

Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden in genetisch veränderten Organismen

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, die genetisch veränderten Organismen, sowie deren Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.

Carotinoide werden de novo in Bakterien, Algen, Pilzen und Pflanzen synthetisiert. Ketocarotinoide, also Carotinoide, die mindestens eine Keto-Gruppe enthalten, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin sind natürliche Antioxidantien und Pigmente, die von einigen Algen und Mikroorganismen als Sekundärmetabolite produziert werden.

Aufgrund ihrer farbgebenden Eigenschaften werden die Ketocarotinoide und insbesondere Astaxanthin als Pigmentierhilfsstoffe in der Tierernährung, insbesondere in der Forellen-, Lachs- und Shrimpszucht verwendet.

Die Herstellung von Astaxanthin erfolgt heutzutage größtenteils durch chemische Syntheseverfahren. Natürliche Ketocarotinoide, wie beispielsweise natürliches Astaxanthin, werden heutzutage in biotechnologischen Verfahren in kleinen Mengen durch Kultivierung von Algen, beispielsweise *Haematococcus pluvialis* oder durch Fermentation von gentechnologisch optimierten Mikroorganismen und anschließender Isolierung gewonnen.

Ein wirtschaftliches biotechnologisches Verfahren zur Herstellung von natürlichen Ketocarotinoiden ist daher von großer Bedeutung.

Nukleinsäuren kodierend eine Ketolase und die entsprechenden Proteinsequenzen sind aus verschiedenen Organismen isoliert und annotiert worden, wie beispielsweise Nukleinsäuren kodierend eine Ketolase aus *Agrobacterium aurantiacum* (EP 735 137, Accession NO: D58420), aus *Alcaligenes sp. PC-1* (EP 735137, Accession NO: D58422), *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille und *Haematococcus pluvialis*, NIES-

2

144 (EP 725137, WO 98/18910 und Lotan et al, FEBS Letters 1995, 364, 125-128, Accession NO: X86782 und D45881), *Paracoccus marcusii* (Accession NO: Y15112), *Synechocystis sp. Strain PC6803* (Accession NO: NP_442491), *Bradyrhizobium sp.* (Accession NO: AF218415) und *Nostoc sp. PCC 7120* (Kaneko et al, DNA Res. 2001, 8(5), 205 - 213; Accession NO: AP003592, BAB74888).

EP 735 137 beschreibt die Herstellung von Xanthophyllen in Mikroorganismen, wie beispielsweise *E. coli* durch Einbringen von Ketolase-Genen (crtW) aus *Agrobacterium aurantiacum* oder *Alcaligenes sp. PC-1* in Mikroorganismen.

Aus EP 725 137, WO 98/18910, Kajiwara et al. (Plant Mol. Biol. 1995, 29, 343-352) und Hirschberg et al. (FEBS Letters 1995, 364, 125-128) ist es bekannt, Astaxanthin durch Einbringen von Ketolase-Genen aus *Haematococcus pluvialis* (crtW, crtO oder bkt) in *E. coli* herzustellen.

Hirschberg et al. (FEBS Letters 1997, 404, 129-134) beschreiben die Herstellung von Astaxanthin in *Synechococcus* durch Einbringen von Ketolase-Genen (crtO) aus *Haematococcus pluvialis*. Sandmann et al. (Photochemistry and Photobiology 2001, 73(5), 551-55) beschreiben ein analoges Verfahren, das jedoch zur Herstellung von Canthaxanthin führt und nur Spuren Astaxanthin liefert.

WO 98/18910 und Hirschberg et al. (Nature Biotechnology 2000, 18(8), 888-892) beschreiben die Synthese von Ketocarotinoiden in Nektarien von Tabakblüten durch Einbringen des Ketolase-Gens aus *Haematococcus pluvialis* (crtO) in Tabak.

WO 01/20011 beschreibt ein DNA Konstrukt zur Produktion von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin, in Samen von Ölsaatzpflanzen wie Raps, Sonnenblume, Sojabohne und Senf unter Verwendung eines Samen-spezifischen Promotors und einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis*.

Alle im Stand der Technik beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden und insbesondere die beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Astaxanthin weisen den Nachteil auf, daß die transgenen Organismen eine große Menge an hydroxylierten Nebenprodukten, wie beispielsweise Zeaxanthin und Adonixanthin liefern.

35

3

Der Erfindung lag daher die Aufgabe zugrunde, ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen zur Verfügung zu stellen, bzw. weitere genetisch veränderte Organismen, die Ketocarotinoide herstellen, zur Verfügung zu stellen, die die vorstehend beschriebenen Nachteile des Standes der Technik in geringerem Maße oder nicht mehr aufweisen.

Demgemäß wurde ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden gefunden, indem man genetisch veränderte Organismen kultiviert, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen und die veränderte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

Die erfindungsgemäßen Organismen wie beispielsweise Mikroorganismen oder Pflanzen sind vorzugsweise als Ausgangsorganismen natürlicherweise in der Lage, Carotinoide wie beispielsweise β -Carotin oder Zeaxanthin herzustellen, oder können durch genetische Veränderung, wie beispielsweise Umregulierung von Stoffwechselwegen oder Komplementierung in die Lage versetzt werden, Carotinoide wie beispielsweise β -Carotin oder Zeaxanthin herzustellen.

Einige Organismen sind als Ausgangs- oder Wildtyporganismen bereits in der Lage, Ketocarotinoid wie beispielsweise Astaxanthin oder Canthaxanthin herzustellen. Diese Organismen, wie beispielsweise *Haematococcus pluvialis*, *Paracoccus marcusii*, *Xanthophyllomyces dendrorhous*, *Bacillus circulans*, *Chlorococcum*, *Phaffia rhodozyma*, *Adonisröschen*, *Neochloris wimmeri*, *Protosiphon botryoides*, *Scotiellopsis oocystiformis*, *Scenedesmus vacuolatus*, *Chlorella zofingiensis*, *Ankistrodesmus braunii*, *Euglena sanguinea*, *Bacillus atrophaeus*, *Blakeslea* weisen bereits als Ausgangs- oder Wildtyporganismus eine Ketolase-Aktivität auf.

In einer Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden daher als Ausgangsorganismen Organismen verwendet, die bereits als Wildtyp oder Ausgangsorganismus eine Ketolaseaktivität aufweisen. In dieser Ausführungsform bewirkt die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp oder Ausgangsorganismus.

Unter Ketolase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Ketolase verstanden.

Unter einer Ketolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Keto-Gruppe einzuführen.

5

Insbesondere wird unter einer Ketolase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Canthaxanthin umzuwandeln.

10 Dementsprechend wird unter Ketolase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase umgesetzte Menge β -Carotin bzw. gebildete Menge Canthaxanthin verstanden.

Bei einer erhöhten Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase die umgesetzte Menge β -Carotin bzw. die gebildete Menge Canthaxanthin erhöht.

20 Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Ketolase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Ketolase-Aktivität des Wildtyps.

Unter dem Begriff "Wildtyp" wird erfindungsgemäß der entsprechende Ausgangsorganismus verstanden.

25 Je nach Zusammenhang kann unter dem Begriff "Organismus" der Ausgangsorganismus (Wildtyp) oder ein erfindungsgemäßer, genetisch veränderter Organismus oder beides verstanden werden.

30 Vorzugsweise und insbesondere in Fällen, in denen der Organismus oder der Wildtyp nicht eindeutig zugeordnet werden kann, wird unter "Wildtyp" für die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der β -Cyclase-Aktivität und die Erhöhung des Gehalts an Ketocarotinoiden jeweils ein Referenzorganismus verstanden.

35

5

Dieser Referenzorganismus ist für Mikroorganismen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Haematococcus pluvialis*.

5 Dieser Referenzorganismus ist für Mikroorganismen, die als Wildtyp keine Ketolase Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Blakeslea*.

10 Dieser Referenzorganismus ist für Pflanzen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase-Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Adonis aestivalis*, *Adonis flammeus* oder *Adonis annuus*, besonders bevorzugt *Adonis aestivalis*.

15 Dieser Referenzorganismus ist für Pflanzen, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität in Blütenblätter aufweisen, vorzugsweise *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Tagetes lucida*, *Tagetes pringlei*, *Tagetes palmeri*, *Tagetes minuta* oder *Tagetes campanulata*, besonders bevorzugt *Tagetes erecta*.

20 Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

25 Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in Pflanzen- oder Mikroorganismenmaterial erfolgt in Anlehnung an die Methode von Frazer et al., (J. Biol. Chem. 272(10): 6128-6135, 1997). Die Ketolase-Aktivität in pflanzlichen oder Mikroorganismus-Extrakten wird mit den Substraten β -Carotin und Canthaxanthin in Gegenwart von Lipid (Sojalecithin) und Detergens (Natriumcholat) bestimmt. Substrat/Produkt-Verhältnisse aus den Ketolase-Assays werden mittels HPLC ermittelt.

30 Die Erhöhung der Ketolase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Translations- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, gegenüber dem Wildtyp, beispielsweise durch Induzierung des Ketolase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, in den Organismus.

35 Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, wird erfindungsgemäß in dieser Ausführungsform auch die Manipulation der Expression der Organismen eigenen endogenen Ketolasen verstanden. Dies kann beispielsweise

durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Ketolase kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine veränderte oder vorzugsweise erhöhte Expressionsrate mindestens eines endogenen Ketolase Gens zur Folge hat, kann durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

5

Es ist wie vorstehend beschrieben möglich, die Expression mindestens einer endogenen Ketolase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

10

Des weiteren kann eine erhöhte Expression mindestens eines endogenen Ketolase Gens dadurch erzielt werden, dass ein im Wildtyporganismus nicht vorkommendes oder modifiziertes Regulatorprotein mit dem Promotor dieser Gene in Wechselwirkung tritt.

15

Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

20 In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der
25 Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen kodieren, in die Organismen, wobei die Ketolasen die Aminosäuresequenz
30 SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz enthalten, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Ketolase-Gen vor, kodierend
35 eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von die-

ser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- 5 In dieser Ausführungsform weist der erfindungsgemäße genetisch veränderte Organismus dementsprechend mindestens eine exogene (=heterologe) Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, auf oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, auf, wobei die Ketolasen die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder
- 10 abgeleitete Sequenz enthalten, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- In einer anderen, bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden als Ausgangsorganismen Organismen verwendet, die als Wildtyp keine Ketolaseaktivität aufweisen.
- 15

- In dieser bevorzugten Ausführungsform verursacht die genetische Veränderung die Ketolase-Aktivität in den Organismen. Der erfindungsgemäße genetisch veränderte Organismus weist somit in dieser bevorzugten Ausführungsform im Vergleich zum genetisch nicht veränderten Wildtyp eine Ketolase-Aktivität auf und ist somit vorzugsweise in der Lage, transgen eine Ketolase zu exprimieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
- 20

- 25 In dieser bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, analog zu der vorstehend beschriebenen Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, vorzugsweise durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, in den Ausgangsorganismus.
- 30

- 35 Dazu kann in beiden Ausführungsformen prinzipiell jede Nukleinsäuren, die eine Ketolase kodiert, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser

Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, verwendet werden.

- 5 Die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, führt im erfindungsgemäßen Verfahren überraschenderweise zu Ketocarotinoiden mit einer geringeren Menge an hydroxylierten Nebenprodukten als bei der Verwendung der im Stand der Technik verwendeten Ketolase-Gene.

- 10 Alle in der Beschreibung erwähnten Nukleinsäuren können beispielsweise eine RNA-, DNA- oder cDNA-Sequenz sein.

- Bei genomischen Ketolase-Sequenzen aus eukaryotischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall, dass der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechenden Ketolase zu exprimieren, bevorzugt
15 bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

- Beispiele für Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, und die entsprechenden Ketolase-
20 sen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, die im erfindungsgemäßen Verfahren vorteilhaft verwendet werden können, sind beispielsweise Sequenzen aus

25

Nostoc sp. Strain PCC7120 (Accession NO: AP003592, BAB74888; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 1, Protein SEQ ID NO: 2),

- Nostoc punctiforme ATTC 29133*, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ_AABC01000195, Basen-
30 paar 55,604 bis 55,392 (SEQ ID NO: 3); Protein: Acc.-No. ZP_00111258 (SEQ ID NO: 4) (als putatives Protein annotiert) oder

Nostoc punctiforme ATTC 29133, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ_AABC01000196, Basen-
paar 140,571 bis 139,810 (SEQ ID NO: 5), Protein: (SEQ ID NO: 6) (nicht annotiert),

35

Synechococcus sp. WH 8102, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ_AABD01000001, Basenpaar 1,354,725-1,355,528 (SEQ ID NO: 46), Protein: Acc.-No. ZP_00115639 (SEQ ID NO: 47) (als putatives Protein annotiert),

- 5 *Nodularia spumigena* NSOR10, (Accession NO: AY210783, AAO64399; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 52, Protein: SEQ ID NO: 53)

oder von diesen Sequenzen abgeleitete Ketolasesequenzen wie beispielsweise

- 10 die Ketolasen der Sequenz SEQ ID NO: 8 oder 10 und die entsprechenden kodierenden Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 7 oder SEQ ID NO: 9, die beispielsweise durch Variation/Mutation aus der Sequenz SEQ ID NO: 4 bzw. SEQ ID NO: 3 hervorgehen,
- 15 die Ketolasen der Sequenz SEQ ID NO: 12 oder 14 und die entsprechenden kodierenden Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 11 oder SEQ ID NO: 13, die beispielsweise durch Variation/Mutation aus der Sequenz SEQ ID NO: 6 bzw. SEQ ID NO: 5 hervorgehen, oder
- 20 die Ketolasen der Sequenz SEQ ID NO: 49 oder 51 und die entsprechenden kodierenden Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 48 oder SEQ ID NO: 50, die beispielsweise durch Variation bzw. Mutation aus der Sequenz SEQ ID NO: 47 bzw. SEQ ID NO: 46 hervorgehen.
- 25 Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene, die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet werden können, lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO:
- 30 2 leicht auffinden.

- Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1 aus verschiedenen Organismen, deren
- 35 genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

Die Hybridisierung kann unter moderaten (geringe Stringenz) oder vorzugsweise unter stringenten (hohe Stringenz) Bedingungen erfolgen.

- 5 Solche Hybridisierungsbedingungen sind beispielsweise bei Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., in: Molecular Cloning (A Laboratory Manual), 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Seiten 9.31-9.57 oder in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6 beschrieben.

- 10 Beispielhaft können die Bedingungen während des Waschschrilles ausgewählt sein aus dem Bereich von Bedingungen begrenzt von solchen mit geringer Stringenz (mit 2X SSC bei 50°C) und solchen mit hoher Stringenz (mit 0.2X SSC bei 50°C, bevorzugt bei 65°C) (20X SSC: 0,3 M Natriumcitrat, 3 M Natriumchlorid, pH 7.0).

- 15 Darüberhinaus kann die Temperatur während des Waschschrilles von moderaten Bedingungen bei Raumtemperatur, 22°C, bis zu stringenten Bedingungen bei 65°C angehoben werden.

- 20 Beide Parameter, Salzkonzentration und Temperatur, können gleichzeitig variiert werden, auch kann einer der beiden Parameter konstant gehalten und nur der andere variiert werden. Während der Hybridisierung können auch denaturierende Agenzien wie zum Beispiel Formamid oder SDS eingesetzt werden. In Gegenwart von 50 % Formamid wird die Hybridisierung bevorzugt bei 42°C ausgeführt.

- 25 Einige beispielhafte Bedingungen für Hybridisierung und Waschschrill sind infolge gegeben:

- (1) Hybridisierungsbedingungen mit zum Beispiel
- 30 (i) 4X SSC bei 65°C, oder
- (ii) 6X SSC bei 45°C, oder
- (iii) 6X SSC bei 68°C, 100 mg/ml denaturierter Fischsperma-DNA, oder
- 35 (iv) 6X SSC, 0.5 % SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA bei 68°C, oder

11

- (v) 6XSSC, 0.5 % SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA, 50 % Formamid bei 42°C, oder
- (vi) 50 % Formamid, 4X SSC bei 42°C, oder
- 5 (vii) 50 % (vol/vol) Formamid, 0.1 % Rinderserumalbumin, 0.1 % Ficoll, 0.1 % Polyvinylpyrrolidon, 50 mM Natriumphosphatpuffer pH 6.5, 750 mM NaCl, 75 mM Natriumcitrat bei 42°C, oder
- 10 (viii) 2X oder 4X SSC bei 50°C (moderate Bedingungen), oder
- (ix) 30 bis 40 % Formamid, 2X oder 4X SSC bei 42° (moderate Bedingungen).
- (2) Waschschrte für jeweils 10 Minuten mit zum Beispiel
- 15 (i) 0.015 M NaCl/0.0015 M Natriumcitrat/0.1 % SDS bei 50°C, oder
- (ii) 0.1X SSC bei 65°C, oder
- 20 (iii) 0.1X SSC, 0.5 % SDS bei 68°C, oder
- (iv) 0.1X SSC, 0.5 % SDS, 50 % Formamid bei 42°C, oder
- (v) 0.2X SSC, 0.1 % SDS bei 42°C, oder
- 25 (vi) 2X SSC bei 65°C (moderate Bedingungen).

In einer bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren bringt man Nukleinsäuren ein, die eine Ketolase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz

30 SEQ ID NO: 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60%, vorzugsweise mindestens 65 %, vorzugsweise mindestens 70 %, bevorzugter mindestens 75 %, bevorzugter mindestens 80 %, bevorzugter mindestens 85 %, bevorzugter mindestens 90 %, bevorzugter mindestens 95 %, besonders bevorzugt mindestens 98 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID

35 NO: 2 aufweist.

12

Dabei kann es sich um eine natürliche Ketolase-Sequenz handeln, die wie vorstehend beschrieben durch Identitätsvergleich der Sequenzen aus anderen Organismen gefunden werden kann oder um eine künstliche Ketolase-Sequenz, die ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 2 durch künstliche Variation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgewandelt wurde.

Unter dem Begriff "Substitution" ist in der Beschreibung der Austausch einer oder mehrerer Aminosäuren durch eine oder mehrere Aminosäuren zu verstehen. Bevorzugt werden sog. konservative Austausche durchgeführt, bei denen die ersetzte Aminosäure eine ähnliche Eigenschaft hat wie die ursprüngliche Aminosäure, beispielsweise Austausch von Glu durch Asp, Gln durch Asn, Val durch Ile, Leu durch Ile, Ser durch Thr.

Deletion ist das Ersetzen einer Aminosäure durch eine direkte Bindung. Bevorzugte Positionen für Deletionen sind die Termini des Polypeptides und die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Proteindomänen.

Insertionen sind Einfügungen von Aminosäuren in die Polypeptidkette, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere Aminosäuren ersetzt wird.

Unter Identität zwischen zwei Proteinen wird die Identität der Aminosäuren über die jeweils gesamte Proteinelänge verstanden, insbesondere die Identität die durch Vergleich mit Hilfe der Vector NTI Suite 7.1 Software der Firma Informax (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a microcomputer. Comput Appl. Biosci. 1989 Apr;5(2):151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

Multiple alignment parameter:

Gap opening penalty	10
Gap extension penalty	10
Gap separation penalty range	8
Gap separation penalty	off
% identity for alignment delay	40
Residue specific gaps	off
Hydrophilic residue gap	off
Transition weighing	0

Pairwise alignment parameter:

FAST algorithm on

K-tuple size 1

Gap penalty 3

5 Window size 5

Number of best diagonals 5

10 Unter einer Ketolase, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist, wird dementsprechend eine Ketolase verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 2, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 42 % aufweist.

15 Beispielsweise weist nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz die Sequenz der Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATTC 29133 (SEQ ID NO: 4) mit der Sequenz der Ketolase aus *Nostoc sp. Strain PCC7120* (SEQ ID NO: 2) eine Identität von 65% auf.

20 Die Sequenz der zweiten Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATTC 29133 (SEQ ID NO: 6) weist mit der Sequenz der Ketolase aus *Nostoc sp. Strain PCC7120* (SEQ ID NO: 2) beispielsweise eine Identität von 58% auf.

25 Die Sequenz der Ketolase aus *Synechococcus sp. WH 8102* (SEQ ID NO: 47) weist mit der Sequenz der Ketolase aus *Nostoc sp. Strain PCC7120* (SEQ ID NO: 2) beispielsweise eine Identität von 44% auf.

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

30 Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der Organismus-spezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Die "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

35 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 1, in den Organismus ein.

Alle vorstehend erwähnten Ketolase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann
5 beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in
10 Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

Die Sequenz der Ketolase aus *Nostoc sp. Strain PCC7120* (SEQ ID NO: 2) weist mit den Sequenzen der Ketolasen die in den Verfahren des Standes der Technik verwendet werden eine Identität von 39% (*Agrobacterium aurantiacum* (EP 735 137, Accession NO: D58420), 40% (*Alcaligenes sp. PC-1* (EP 735137, Accession NO: D58422) und
15 20 bis 21 % (*Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille und *Haematococcus pluvialis*; NIES-144 (EP 725137, WO 98/18910 und Lotan et al, FEBS Letters 1995, 364, 125-128, Accession NO: X86782 und D45881) auf.

20 In einer bevorzugten Ausführungsform werden Organismen kultiviert, die gegenüber dem Wildtyp zusätzlich zur erhöhten Ketolase-Aktivität eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder β -Cyclase-Aktivität aufweisen.

25 Unter Hydroxylase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Hydroxylase verstanden.

Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

30 Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Zeaxanthin oder Canthaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Hydroxylase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase umgesetzte Menge β -Carotin oder Canthaxanthin bzw. gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin verstanden.

- 5 Bei einer erhöhten Hydroxylase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase die umgesetzte Menge β -Carotin oder Canthaxanthin bzw. die gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin erhöht.
- 10 Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugt mindestens 300 %, noch bevorzugt mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Hydroxylase-Aktivität des Wildtyps.
- 15 Unter β -Cyclase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer β -Cyclase verstanden.

Unter einer β -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen β -Ionon-Ring zu überführen.

20

Insbesondere wird unter einer β -Cyclase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, γ -Carotin in β -Carotin umzuwandeln.

- Dementsprechend wird unter β -Cyclase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein β -Cyclase umgesetzte Menge γ -Carotin bzw. gebildete Menge β -Carotin verstanden.
- 25

- Bei einer erhöhten β -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein β -Cyclase die umgesetzte Menge an Lycopin bzw. γ -Carotin oder die gebildete Menge an γ -Carotin aus Lycopin bzw. die gebildete Menge an β -Carotin aus γ -Carotin erhöht.
- 30

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der β -Cyclase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt min-

destens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der β -Cyclase-Aktivität des Wildtyps.

Die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

Die Aktivität der Hydroxylase wird nach Bouvier et al. (Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320-328) *in vitro* bestimmt. Es wird zu einer bestimmten Menge an Organismusextrakt Ferredoxin, Ferredoxin-NADP Oxidoreductase, Katalase, NADPH sowie β -Carotin mit Mono- und Digalaktosylglyzeriden zugegeben.

Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, Keller, d'Harlingue und Camara (Xanthophyll biosynthesis: molecular and functional characterization of carotenoid hydroxylases from pepper fruits (*Capsicum annuum* L.; Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320-328):

Der *in-vitro* Assay wird in einem Volumen von 0.250 ml durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), 0.025 mg Ferredoxin von Spinat, 0.5 Einheiten Ferredoxin-NADP⁺ Oxidoreduktase von Spinat, 0.25 mM NADPH, 0.010 mg β -Carotin (in 0.1 mg Tween 80 emulgiert), 0.05 mM einer Mischung von Mono- und Digalaktosylglyzeriden (1:1), 1 Einheit Katalase, 200 Mono- und Digalaktosylglyzeriden (1:1), 0.2 mg Rinderserumalbumin und Organismusextrakt in unterschiedlichem Volumen. Die Reaktionsmischung wird 2 Stunden bei 30°C inkubiert. Die Reaktionsprodukte werden mit organischem Lösungsmittel wie Aceton oder Chloroform/Methanol (2:1) extrahiert und mittels HPLC bestimmt.

Die Bestimmung der β -Cyclase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

Die Aktivität der β -Cyclase wird nach Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9-15) *in vitro* bestimmt. Es werden zu einer bestimmten Menge an Organismusextrakt Kaliumphosphat als Puffer (pH 7.6), Lycopin als Substrat, Stromaprotein von Paprika, NADP⁺, NADPH und ATP zugegeben.

Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der β -Cyclase –Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, d'Harlingue und Camara (Molecular Analysis of carotenoid cyclase inhibition; Arch. Biochem. Biophys. 346(1) (1997) 53-64):

- 5 Der in-vitro Assay wird in einem Volumen von 250 μ l Volumen durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), unterschiedliche Mengen an Organismusextrakt, 20 nM Lycopin, 250 μ g an chromoplastidärem Stromaprotein aus Paprika, 0.2 mM NADP⁺, 0.2 mM NADPH und 1 mM ATP. NADP/NADPH und ATP werden in 10 ml Ethanol mit 1 mg Tween 80 unmittelbar vor der Zugabe zum Inkubationsmedium
10 gelöst. Nach einer Reaktionszeit von 60 Minuten bei 30°C wird die Reaktion durch Zugabe von Chloroform/Methanol (2:1) beendet. Die in Chloroform extrahierten Reaktionsprodukte werden mittels HPLC analysiert.

- Ein alternativer Assay mit radioaktivem Substrat ist beschrieben in Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9-15).
15

- Die Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität und/oder β -Cyclase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Expressions- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression von Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und/oder von Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp.
20

- Die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und/oder die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp kann ebenfalls durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Induzierung des Hydroxylase-Gens und/oder β -Cyclase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von einer oder mehrerer Hydroxylase-Genkopien und/oder β -Cyclase-Genkopien, also durch Einbringen mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, in den Organismus.
25
30

- Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase und/oder β -Cyclase, wird erfindungsgemäß auch die Manipulation der Expression der Organismus eigenen endogenen Hydroxylase und/oder β -Cyclase verstanden.
35

Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Hydroxylasen und/oder β -Cyclasen kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine erhöhte Expressionsrate des Gens zur Folge hat, kann beispielsweise durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

5

Es ist, wie vorstehend beschrieben, möglich, die Expression der endogenen Hydroxylase und/oder β -Cyclase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdsubstanzen erfolgen.

10

Des weiteren kann eine veränderte bzw. erhöhte Expression eines endogenen Hydroxylase- und/oder β -Cyclase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein im nicht transformierten Organismus nicht vorkommendes Regulator-Protein mit dem Promotor dieses Gens in Wechselwirkung tritt.

15

Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

20

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, in den Organismus.

25

Dazu kann prinzipiell jedes Hydroxylase-Gen bzw. jedes β -Cyclase-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine Hydroxylase und jede Nukleinsäure, die eine β -Cyclase kodiert, verwendet werden.

30

Bei genomischen Hydroxylase- bzw. β -Cyclase-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryotischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall, dass der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende Hydroxylase bzw. β -Cyclase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs, zu verwenden.

35

Ein Beispiel für ein Hydroxylase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, aus *Haematococcus pluvialis*, Accession AX038729, WO 0061764); (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 15, Protein: SEQ ID NO: 16).

- 5 Ein Beispiel für ein β -Cyclase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase aus Tomate (Accession X86452). (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 17, Protein: SEQ ID NO: 18).

In den erfindungsgemäßen bevorzugten transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres

- 10 Hydroxylase-Gen und/oder β -Cyclase-Gen vor.

- In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der genetisch veränderte Organismus beispielsweise mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase und/oder
15 mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase, auf.

- Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als Hydroxylase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion
20 oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90 %, am bevorzugtesten mindestens 95 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 16, und die die enzymatische Eigenschaft einer Hydroxylase
25 aufweisen.

- Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der
30 entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID. NO: 16 leicht auffinden.

Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 15 aus verschiedenen Organis-

men deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, wie vorstehend beschrieben, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

5 In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der Hydroxylase der Sequenz SEQ ID NO: 16.

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

10

Bevorzugt werden dafür solche Kodons verwendet, die entsprechend des Organismus-spezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Dieser "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

15

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 15, in den Organismus ein.

20 Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als β -Cyclase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 70 %, noch bevorzugter mindestens 90 %, am bevorzugtesten mindestens 95 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 18, und die die enzymatische Eigenschaft einer β -Cyclase aufweisen.

30 Weitere Beispiele für β -Cyclasen und β -Cyclase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID NO: 18 leicht auffinden.

35 Weitere Beispiele für β -Cyclasen und β -Cyclase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 17 aus verschiedenen Organismen,

deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

5 In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der β -Cyclase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der β -Cyclase der Sequenz SEQ. ID. NO: 18.

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

10

Bevorzugt werden dafür solche Kodons verwendet, die entsprechend des Organismus-spezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Dieser "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

15

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 17 in den Organismus ein.

20 Alle vorstehend erwähnten Hydroxylase-Gene oder β -Cyclase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappenden, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamidit-methode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die
25 Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

30 Besonders bevorzugt werden im erfindungsgemäßen Verfahren genetisch veränderte Organismen mit folgende Kombinationen genetischer Veränderungen verwendet:

Genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität aufweisen,

35

genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte β -Cyclase-Aktivität aufweisen und

- 5 genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und eine erhöhte β -Cyclase-Aktivität aufweisen.

- Die Herstellung dieser genetisch veränderten Organismen kann, wie nachstehend beschrieben, beispielsweise durch Einbringen einzelner Nukleinsäurekonstrukte (Expressionskassetten) oder durch Einbringen von Mehrfachkonstrukten erfolgen, die bis zu
10 zwei oder drei der beschriebenen Aktivitäten enthalten.

- Unter Organismen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Organismen verstanden, die als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung und/oder Umregulierung der Stoffwechselwege in der Lage sind,
15 Carotinoide, insbesondere β -Carotin und/oder Zeaxanthin und/oder Neoxanthin und/oder Violaxanthin und/oder Lutein herzustellen.

- Weiter bevorzugte Organismen weisen als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen bereits eine Hydroxylase-Aktivität auf und sind somit als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen in
20 der Lage, Zeaxanthin herzustellen.

Bevorzugte Organismen sind Pflanzen oder Mikroorganismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

- 25 Als Bakterien können sowohl Bakterien verwendet werden, die aufgrund des Einbringens von Genen der Carotinoidbiosynthese eines Carotinoid-produzierenden Organismus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren, wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Escherichia*, die beispielsweise crt-Gene aus *Erwinia* enthalten, als auch Bakterien, die von sich aus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren wie beispielsweise
30 Bakterien der Gattung *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc* oder Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*.

Bevorzugte Bakterien sind *Escherichia coli*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia uredovora*, *Agrobacterium aurantiacum*, *Alcaligenes* sp. PC-1, *Flavobacterium* sp. strain R1534,

23

das Cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC6803, *Paracoccus marcusii* oder *Paracoccus carotinifaciens*.

5 Bevorzugte Hefen sind *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia* oder *Phaffia*. Besonders bevorzugte Hefen sind *Xanthophyllomyces dendrorhous* oder *Phaffia rhodozyma*.

10 Bevorzugte Pilze sind *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium* oder weitere in Indian Chem. Engr. Section B. Vol. 37, No. 1, 2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

15 Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung *Haematococcus*, *Phaedactylum tricomatum*, *Volvox* oder *Dunaliella*. Besonders bevorzugte Algen sind *Haematococcus puvialis* oder *Dunaliella bardawil*.

Weitere brauchbare Mikroorganismen und deren Herstellung zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind beispielsweise aus der DE-A-199 16 140 bekannt, worauf hiermit Bezug genommen wird.

20 Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.

30 Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Amica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthus*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hisbiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Maratia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyracantha*,
35

24

Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sinapsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussock, Ulex, Viola oder *Zinnia*, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*,
5 *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium*, *Tropaeolum* oder *Adonis*.

Im erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden wird vorzugsweise dem Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Organismen ein Ernten der
10 Organismen und weiter bevorzugt zusätzlich ein Isolieren von Ketocarotinoiden aus den Organismen angeschlossen.

Das Ernten der Organismen erfolgt in an sich bekannter Weise dem jeweiligen Organismus entsprechend. Mikroorganismen, wie Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze oder
15 Pflanzenzellen, die durch Fermentation in flüssigen Nährmedien kultiviert werden, können beispielsweise durch Zentrifugieren, Dekantieren oder Filtrieren abgetrennt werden. Pflanzen werden in an sich bekannter Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

20 Die Kultivierung der genetisch veränderten Mikroorganismen erfolgt bevorzugt in Gegenwart von Sauerstoff bei einer Kultivierungstemperatur von mindestens etwa 20°C, wie z.B. 20°C bis 40 °C, und einem pH-Wert von etwa 6 bis 9. Bei genetisch veränderten Mikroorganismen erfolgt vorzugsweise zunächst die Kultivierung der Mikroorganismen in Gegenwart von Sauerstoff und in einem Komplexmedium, wie z.B. TB- oder
25 LB- Medium bei einer Kultivierungstemperatur von etwa 20 °C oder mehr, und einem pH-Wert von etwa 6 bis 9, bis eine ausreichende Zelldichte erreicht ist. Um die Oxidationsreaktion besser steuern zu können, bevorzugt man die Verwendung eines induzierbaren Promotors. Die Kultivierung wird nach Induktion der Ketolaseexpression in Gegenwart von Sauerstoff, z.B. 12 Stunden bis 3 Tage, fortgesetzt.

30 Die Isolierung der Ketocarotinoide aus der geernteten Biomasse erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemische oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie.
35

25

Wie nachstehend erwähnt, können die Ketocarotinoide in den erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen vorzugsweise in verschiedenen Pflanzengewebe, wie beispielsweise Samen, Blätter, Früchte, Blüten, insbesondere in Blütenblättern spezifisch hergestellt werden.

5

Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den geernteten Blütenblättern erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Trocknung und anschließender Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemischer oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie

10 Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie. Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern erfolgt beispielsweise bevorzugt durch organische Lösungsmittel wie Aceton, Hexan, Ether oder tert.-Methylbutylether.

- 15 Weitere Isolierverfahren von Ketocarotinoiden, insbesondere aus Blütenblättern, sind beispielsweise in Egger und Kleinig (Phytochemistry (1967) 6, 437-440) und Egger (Phytochemistry (1965) 4, 609-618) beschrieben.

- Vorzugsweise sind die Ketocarotinoide ausgewählt aus der Gruppe Astaxanthin,
- 20 Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

Ein besonders bevorzugtes Ketocarotinoid ist Astaxanthin.

- 25 Je nach verwendetem Organismus fallen die Ketocarotinoide in freier Form oder als Fettsäureester an.

- In Blütenblättern von Pflanzen fallen die Ketocarotinide im erfindungsgemäßen Verfahren in Form ihrer Mono- oder Diester mit Fettsäuren an. Einige nachgewiesene Fettsäuren sind z.B. Myristinsäure, Palmitinsäure, Stearinsäure, Ölsäure, Linolensäure,
- 30 und Laurinsäure (Kamata und Simpson (1987) Comp. Biochem. Physiol. Vol. 86B(3), 587-591).

- Die Herstellung der Ketocarotinoide kann in der ganzen Pflanze oder in einer bevorzugten Ausführungsform spezifisch in Pflanzengewebe, die Chromoplasten enthalten,
- 35 erfolgen. Bevorzugte Pflanzengewebe sind beispielsweise Wurzeln, Samen, Blätter,

Früchte, Blüten und insbesondere Nektarien und Blütenblätter, die auch Petalen bezeichnet werden.

5 In einer besonderes bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Blüten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

10 Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem blütenspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

15 In einer weiteren, besonderes bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Früchten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

20 Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines fruchtspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem fruchtspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

25 In einer weiteren, besonderes bevorzugten, Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Samen die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

30 Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem samenspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

35 Das Targeting in die Chromoplasten erfolgt durch ein funktionell verknüpftes plastidäres Transitpeptid.

Im folgenden wird exemplarisch die Herstellung genetisch veränderter Pflanzen mit erhöhter oder verursachter Ketolase-Aktivität beschrieben. Die Erhöhung weiterer Aktivitäten, wie beispielsweise der Hydroxylase-Aktivität und/oder der β -Cyclase-Aktivität kann analog unter Verwendung von Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Hydroxylase bzw. β -Cyclase anstelle von Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Ketolase, erfolgen. Die Transformation kann bei den Kombinationen von genetischen Veränderungen einzeln oder durch Mehrfachkonstrukte erfolgen.

Die Herstellung der transgenen Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangspflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase enthält, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die kodierende Nukleinsäuresequenz mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

Vorzugsweise enthalten die Regulationssignale einen oder mehrere Promotoren, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

Die Expressionskassetten beinhalten Regulationssignale, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfasst eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für mindestens eines der vorstehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind. Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, das jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.

Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie die transgenen Pflanzen selbst beschrieben.

- 5 Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten, aber nicht darauf beschränkten Sequenzen, sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärkern wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus
10 (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693 -8711).

Als Promotor der Expressionskassette ist grundsätzlich jeder Promotor geeignet, der die Expression von Fremdgenen in Pflanzen steuern kann.

- 15 "Konstitutiver" Promotor meint solche Promotoren, die eine Expression in zahlreichen, bevorzugt allen, Geweben über einen größeren Zeitraum der Pflanzenentwicklung, bevorzugt zu allen Zeitpunkten der Pflanzenentwicklung, gewährleisten.

- Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen
20 Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der Promotor des 35S-Transkriptes des CaMV Blumenkohlmosaikvirus (Franck et al. (1980) Cell 21:285-294; Odell et al. (1985) Nature 313:810-812; Shewmaker et al. (1985) Virology 140:281-288; Gardner et al. (1986) Plant Mol Biol 6:221-228), der 19S CaMV Promotor (US 5,352,605; WO 84/02913; Benfey et al. (1989) EMBO J 8:2195-2202), den Triose-
25 Phosphat Translokator (TPT) Promotor aus *Arabidopsis thaliana* Acc.-No. AB006698, Basenpaar 53242 bis 55281; das Gen beginnend ab bp 55282 ist mit "phosphate/triose-phosphate translocator" annotiert, oder den 34S Promoter aus Figwort mosaic virus Acc.-No. X16673, Basenpaar 1 bis 554.

- 30 Ein weiterer geeigneter konstitutiver Promotor ist der pds Promoter (Pecker et al. (1992) Proc. Natl. Acad. Sci USA 89: 4962-4966) oder der "Rubisco small subunit (SSU)"-Promotor (US 4,962,028), der LeguminB-Promotor (GenBank Acc.-Nr. X03677), der Promotor der Nopalinsynthase aus *Agrobacterium*, der TR-Doppelpromotor, der OCS (Octopin Synthase) Promotor aus *Agrobacterium*, der Ubiquitin Promotor (Holtorf S et al. (1995) Plant Mol Biol 29:637-649), der Ubiquitin 1 Pro-
35 motor (Christensen et al. (1992) Plant Mol Biol 18:675-689; Bruce et al. (1989) Proc

Natl Acad Sci USA 86:9692-9696), der Smas Promotor, der Cinnamylalkoholdehydrogenase-Promotor (US 5,683,439), die Promotoren der vakuolärer ATPase Untereinheiten oder der Promotor eines prolinreichen Proteins aus Weizen (WO 91/13991), der Pnit-Promoter (Y07648.L, Hillebrand et al. (1998), Plant. Mol. Biol. 36, 89-99, Hillebrand et al. (1996), Gene, 170, 197-200) sowie weitere Promotoren von Genen, deren konstitutive Expression in Pflanzen dem Fachmann bekannt ist.

Die Expressionskassetten können auch einen chemisch induzierbaren Promotor enthalten (Übersichtsartikel: Gatz et al. (1997) Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol 48:89-108), durch den die Expression des Ketolase-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann. Derartige Promotoren, wie z.B. der PRP1 Promotor (Ward et al. (1993) Plant Mol Biol 22:361-366), ein durch Salicylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzolsulfonamid-induzierbarer Promotor (EP 0 388 186), ein durch Tetrazyklin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J 2:397-404), ein durch Abscisinsäure induzierbarer Promotor (EP 0 335 528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-induzierbarer Promotor (WO 93/21334) können ebenfalls verwendet werden.

Ferner sind Promotoren bevorzugt, die durch biotischen oder abiotischen Stress induziert werden wie beispielsweise der pathogen-induzierbare Promotor des PRP1-Gens (Ward et al. (1993) Plant Mol Biol 22:361-366), der hitzeinduzierbare hsp70- oder hsp80-Promoter aus Tomate (US 5,187,267), der kalteinduzierbare alpha-Amylase Promoter aus der Kartoffel (WO 96/12814), der licht-induzierbare PPK Promotor oder der verwundungsinduzierte pinII-Promoter (EP375091).

Pathogen-induzierbare Promotoren umfassen die von Genen, die infolge eines Pathogenbefalls induziert werden wie beispielsweise Gene von PR-Proteinen, SAR-Proteinen, b-1,3-Glucanase, Chitinase usw. (beispielsweise Redolfi et al. (1983) Neth J Plant Pathol 89:245-254; Uknes, et al. (1992) The Plant Cell 4:645-656; Van Loon (1985) Plant Mol Biol 4:111-116; Marneau et al. (1987) Plant Mol Biol 9:335-342; Matton et al. (1987) Molecular Plant-Microbe Interactions 2:325-342; Somssich et al. (1986) Proc Natl Acad Sci USA 83:2427-2430; Somssich et al. (1988) Mol Gen Genet 2:93-98; Chen et al. (1996) Plant J 10:955-966; Zhang and Sing (1994) Proc Natl Acad Sci USA 91:2507-2511; Warner, et al. (1993) Plant J 3:191-201; Siebertz et al. (1989) Plant Cell 1:961-968(1989).

- Umfasst sind auch verwundungsinduzierbare Promotoren wie der des pinII-Gens (Ryan (1990) Ann Rev Phytopath 28:425-449; Duan et al. (1996) Nat Biotech 14:494-498), des wun1 und wun2-Gens (US 5,428,148), des win1- und win2-Gens (Stanford et al. (1989) Mol Gen Genet 215:200-208), des Systemin-Gens (McGurl et al. (1992) Science 225:1570-1573), des WIP1-Gens (Rohmeier et al. (1993) Plant Mol Biol 22:783-792; Ekelkamp et al. (1993) FEBS Letters 323:73-76), des MPI-Gens (Corderok et al. (1994) The Plant J 6(2):141-150) und dergleichen.
- Weitere geeignete Promotoren sind beispielsweise fruchtreifung-spezifische Promotoren, wie beispielsweise der fruchtreifung-spezifische Promotor aus Tomate (WO 94/21794, EP 409 625). Entwicklungsabhängige Promotoren schließt zum Teil die gewebespezifischen Promotoren ein, da die Ausbildung einzelner Gewebe naturgemäß entwicklungsabhängig erfolgt.
- Weiterhin sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, die die Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen beispielsweise die Biosynthese von Ketocarotinoiden bzw. dessen Vorstufen stattfindet. Bevorzugt sind beispielsweise Promotoren mit Spezifitäten für die Antheren, Ovarien, Petalen, Sepalen, Blüten, Blätter, Stengel, Samen und Wurzeln und Kombinationen hieraus.
- Knollen-, Speicherwurzel- oder Wurzel-spezifische Promotoren sind beispielsweise der Patatin-Promotor Klasse I (B33) oder der Promotor des Cathepsin D Inhibitors aus Kartoffel.
- Blattspezifische Promotoren sind beispielsweise der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel (WO 97/05900), der SSU Promotor (small subunit) der Rubisco (Ribulose-1,5-bisphosphatcarboxylase) oder der ST-LSI Promotor aus Kartoffel (Stockhaus et al. (1989) EMBO J 8:2445-2451).
- Blütenspezifische Promotoren sind beispielsweise der Phytoen-Synthase Promotor (WO 92/16635) oder der Promotor des P-rr Gens (WO 98/22593), der AP3 Promoter aus Arabidopsis thaliana (siehe Beispiel 5), der CHRC-Promoter (Chromoplast-specific carotenoid-associated protein (CHRC) gene promoter aus Cucumis sativus Acc.-No. AF099501, Basenpaar 1 bis 1532), der EPSP_Synthase Promotor (5-enol-pyruvylshikimate-3-phosphate synthase gene promoter aus Petunia hybrida, Acc.-No. M37029, Basenpaar 1 bis 1788), der PDS Promotor (Phytoene desaturase gene pro-

31

moter aus *Solanum lycopersicum*, Acc.-No. U46919, Basenpaar 1 bis 2078), der DFR-A Promotor (Dihydroflavonol 4-reductase gene A promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. X79723, Basenpaar 32 bis 1902) oder der FBP1 Promotor (Floral Binding Protein 1 gene promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. L10115, Basenpaar 52 bis 1069).

5

Antheren-spezifische Promotoren sind beispielsweise der 5126-Promotor (US 5,689,049, US 5,689,051), der glob-I Promotor oder der g-Zein Promotor.

Samen-spezifische Promotoren sind beispielsweise der ACP05-Promotor (Acyl-carrier-Protein Gen, WO9218634), die Promotoren AtS1 und AtS3 von *Arabidopsis* (WO 9920775), der LeB4-Promotor von *Vicia faba* (WO 9729200 und US 06403371), der Napin-Promotor von *Brassica napus* (US 5608152; EP 255378; US 5420034), der SBP-Promotor von *Vicia faba* (DE 9903432) oder die Maispromotoren End1 und End2 (WO 0011177).

15

Weitere zur Expression in Pflanzen geeignete Promotoren sind beschrieben in Rogers et al. (1987) Meth in Enzymol 153:253-277; Schardl et al. (1987) Gene 61:1-11 und Berger et al. (1989) Proc Natl Acad Sci USA 86:8402-8406).

20 Besonders bevorzugt im erfindungsgemäßen Verfahren sind konstitutive, samenspezifische, fruchtspezifische, blütenspezifische und insbesondere blütenblattspezifische Promotoren.

Die vorliegende Erfindung betrifft daher insbesondere ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenspezifischen oder insbesondere einen blütenblattspezifischen Promotor und eine Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

30

Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer vorstehend beschriebenen Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein plastidenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular

35

Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and
 5 Wiley-Interscience (1987), beschrieben sind.

Die vorzugsweise insertierte Nukleinsäuren, kodierend ein plastidäres Transitpeptid, gewährleiten die Lokalisation in Plastiden und insbesondere in Chromoplasten.

10 Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-Sequenz für ein Ketolase-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chromoplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation der Ketolase in die Chromoplasten vom Ketolase-Teil enzymatisch abgespalten werden.

15 Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco (rbcS) oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2) oder dessen funktionellem Äquivalent
 20 abgeleitet ist.

Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der NcoI Schnittstelle:

25

pTP09

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
 GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCT-
 30 CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-
 TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCGTAAGGTCACCGGC-
 GATTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTGAAGTGCAGG-
 GATCC_BamHI

35 pTP10

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCT-
CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-
TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTTCGTAAGGTCACCGGC-
5 GATTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTGAAGTGGCTG-
GATCC_BamHI

pTP11

10 KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCTTCTTCTCT-
CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-
TACTCCTTCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCGTAAGGTCACCGGC-
GATTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAACCTGAGACTGCGGG-
15 GATCC_BamHI

Weitere Beispiele für ein plastidäres Transitpeptid sind das Transitpeptid der plastidären Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabidopsis thaliana* und das Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulosebiphosphat Carboxylase (rbcS) aus Erbse (Guerineau, F, Woolston, S, Brooks, L, Mullineaux, P (1988) An expression cassette for targeting foreign proteins into the chloroplasts. Nucl. Acids Res. 16: 11380).

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-
Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten ver-
schiedener Organismen bestehen.

30 Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden.

Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist.

Für die Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptern oder Linker angesetzt werden.

5 Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die
10 Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig austauschbar.

15 Beispiele für einen Terminator sind der 35S-Terminator (Guerineau et al. (1988) Nucl Acids Res. 16: 11380), der nos Terminator (Depicker A, Stachel S, Dhaese P, Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. J Mol Appl Genet. 1982;1(6):561-73) oder der ocs Terminator (Gielen, J, de Beuckeleer, M, Seurinck, J, Debroek, H, de Greve, H, Lemmers, M, van Montagu, M, Schell, J (1984) The complete sequence of the TL-DNA of the Agrobacterium tumefaciens plasmid pTiAch5. EMBO J. 3: 835-846).

25 Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.

30 Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

35 Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus Agrobacterium tumefaciens, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-

Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.

Dazu können an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzengeweben oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt werden.

Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone – die sogenannte "particle bombardment" Methode, die Elektroporation, die Inkubation trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch *Agrobacterium* vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225) beschrieben.

Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711) oder besonders bevorzugt pSUN2, pSUN3, pSUN4 oder pSUN5 (WO 02/00900).

Mit einem Expressionsplasmid transformierte Agrobakterien können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette, die eine Ketolase exprimiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19 oder insbesondere pSUN5 und pSUN3 kloniert, der geeignet ist, in *Agrobacterium tumefaciens* transformiert zu werden. Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen ver-

wendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

- 5 Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw.
- 10 in die Expressionskassette integriertes Gen für die Expression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthalten.

- Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einer für eine Ketolase kodierenden Nukleinsäure wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap.
- 15 6/7, S. 71-119 (1993) beschrieben.

- 20 Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pJIT117 (Guerineau et al. (1988) Nucl. Acids Res. 16 :11380), pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl
- 25 in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

Im folgenden wird die Herstellung der erfindungsgemäßen genteilich veränderten Mikroorganismen näher beschrieben:

- 30 Die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase oder β -Hydroxylase oder β -Cyclase sind vorzugsweise in Expressionskonstrukte eingebaut, enthaltend unter der genetischen Kontrolle regulativer Nukleinsäuresequenzen eine für ein erfindungsgemäßes Enzym kodierende Nukleinsäuresequenz; sowie Vektoren, umfassend wenigstens eines dieser Expressionskonstrukte.

- Vorzugsweise umfassen solche erfindungsgemäßen Konstrukte 5'-stromaufwärts von der jeweiligen kodierenden Sequenz einen Promotor und 3'-stromabwärts eine Terminatorsequenz sowie gegebenenfalls weitere übliche regulative Elemente, und zwar jeweils operativ verknüpft mit der kodierenden Sequenz. Unter einer "operativen Verknüpfung" versteht man die sequentielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und gegebenenfalls weiterer regulativer Elemente derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.
- 5
- 10 Beispiele für operativ verknüpfbare Sequenzen sind Targeting-Sequenzen sowie Translationsverstärker, Enhancer, Polyadenylierungssignale und dergleichen. Weitere regulative Elemente umfassen selektierbare Marker, Amplifikationssignale, Replikationsursprünge und dergleichen.
- 15 Zusätzlich zu den artifiziellen Regulationssequenzen kann die natürliche Regulationssequenz vor dem eigentlichen Strukturgen noch vorhanden sein. Durch genetische Veränderung kann diese natürliche Regulation gegebenenfalls ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht oder erniedrigt werden. Das Genkonstrukt kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es werden keine zusätzlichen Regulationssignale
- 20 vor das Strukturgen insertiert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wird nicht entfernt. Statt dessen wird die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und die Genexpression gesteigert oder verringert wird. Die Nukleinsäuresequenzen können in einer oder mehreren Kopien im Genkonstrukt
- 25 enthalten sein.
- Beispiele für brauchbare Promotoren in Mikroorganismen sind: cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacIq-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, lambda-PR- oder im lambda-PL-Promotor, die vorteilhafterweise in gram-negativen Bakterien Anwendung finden; sowie die gram-positiven Promotoren amy und SPO2 oder die Hefepromotoren
- 30 ADC1, MFa, AC, P-60, CYC1, GAPDH. Besonders bevorzugt ist die Verwendung induzierbarer Promotoren, wie z.B. licht- und insbesondere temperaturinduzierbarer Promotoren, wie der P_{LP}-Promotor.

Prinzipiell können alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen verwendet werden. Darüber hinaus können auch synthetische Promotoren vorteilhaft verwendet werden.

- 5 Die genannten regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Nukleinsäuresequenzen und die Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird.
- 10 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei vorzugsweise die Expression positiv beeinflussen und dadurch erhöhen oder erniedrigen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.
- 15

- Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt durch Fusion eines geeigneten Promotors mit den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Ketolase, β -Hydroxylase oder β -Cyclase sowie einem Terminator- oder Polyadenylierungssignal. Dazu verwendet man gängige Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley Interscience (1987) beschrieben sind.
- 20
 - 25

- Das rekombinante Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt wird zur Expression in einem geeigneten Wirtsorganismus vorteilhafterweise in einen wirtsspezifischen Vektor insertiert, der eine optimale Expression der Gene im Wirt ermöglicht. Vektoren sind dem Fachmann wohl bekannt und können beispielsweise aus "Cloning Vectors" (Pouwels P. H. et al., Hrsg, Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985) entnommen werden. Unter Vektoren sind außer Plasmiden auch alle anderen dem Fachmann bekannte Vektoren, wie beispielsweise Phagen, Viren, wie SV40, CMV, Baculovirus und Adenovirus, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Cosmide, und lineare oder zirkuläre
- 30
 - 35

DNA zu verstehen. Diese Vektoren können autonom im Wirtsorganismus repliziert oder chromosomal repliziert werden.

Als Beispiele für geeignete Expressionsvektoren können genannt werden:

5

Übliche Fusionsexpressionsvektoren, wie pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B. und Johnson, K.S. (1988) *Gene* 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT 5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

10

Nicht-Fusionsprotein-Expressionsvektoren wie pTrc (Amann et al., (1988) *Gene* 69:301-315) und pET 11d (Studier et al. *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89) oder pBluescript und pUC-Vektoren.

15

Hefe-Expressionsvektor zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae*, wie pYepSec1 (Baldari et al., (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) *Céll* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA).

20

Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of Fungi*, J.F. Peberdy et al., Hrsg., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge.

25

Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (bspw. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al., (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

30

Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryontische und eukaryotische Zellen sind in Kapitel 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F. und Maniatis, T., *Molecular cloning: A Laboratory Manual*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989 beschrieben.

35

Mit Hilfe der erfindungsgemäßen Expressionskonstrukte bzw. Vektoren sind genetisch veränderte Mikroorganismen herstellbar, welche beispielsweise mit wenigstens einem erfindungsgemäßen Vektor transformiert sind.

- 5 Vorteilhafterweise werden die oben beschriebenen erfindungsgemäßen rekombinanten Konstrukte in ein geeignetes Wirtssystem eingebracht und exprimiert. Dabei werden vorzugsweise dem Fachmann bekannte geläufige Klonierungs- und Transfektionsmethoden, wie beispielsweise Co-Präzipitation, Protoplastenfusion, Elektroporation, retrovirale Transfektion und dergleichen, verwendet, um die genannten Nukleinsäuren
- 10 im jeweiligen Expressionssystem zur Expression zu bringen. Geeignete Systeme werden beispielsweise in Current Protocols in Molecular Biology, F. Ausubel et al., Hrsg., Wiley Interscience, New York 1997, beschrieben.

- 15 Die Selektion erfolgreich transformierter Organismen kann durch Markergene erfolgen, die ebenfalls im Vektor oder in der Expressionskassette enthalten sind. Beispiele für solche Markergene sind Gene für Antibiotikaresistenz und für Enzyme, die eine farbgebende Reaktion katalysieren, die ein Anfärben der transformierten Zelle bewirkt. Diese können dann mittels automatischer Zellsortierung selektiert werden.

- 20 Erfolgreich mit einem Vektor transformierte Mikroorganismen, die ein entsprechendes Antibiotikaresistenzgen (z.B. G418 oder Hygromycin) tragen, lassen sich durch entsprechende Antibiotika-enthaltende Medien oder Nährböden selektieren. Markerproteine, die an der Zelloberfläche präsentiert werden, können zur Selektion mittels Affinitätschromatographie genutzt werden.

- 25 Die Kombination aus den Wirtsorganismen und den zu den Organismen passenden Vektoren, wie Plasmide, Viren oder Phagen, wie beispielsweise Plasmide mit dem RNA-Polymerase/Promoter-System, die Phagen 8 oder andere temperente Phagen oder Transposons und/oder weiteren vorteilhaften regulatorischen Sequenzen bildet
- 30 ein Expressionssystem.

- 35 Die Erfindung betrifft ferner ein Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen, dadurch gekennzeichnet, das man ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen Promotor und Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine

41

Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, und gegebenenfalls einen Terminator in das Genom des Ausgangsorganismus oder extrachromosomal in den Ausgangsorganismus einführt.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die genetisch veränderten Organismen, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase

A für den Fall, dass der Wildtyporganismus bereits eine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und

10

B für den Fall, dass der Wildtyporganismus keine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht

- 15 und die nach A erhöhte oder nach B verursachte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- 20 Wie vorstehend ausgeführt erfolgt die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp vorzugsweise durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von
- 25 mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt, wie vorstehend ausgeführt, die Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, durch Einbringen von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, in die Pflanzen und damit vorzugsweise durch Überexpression oder transgene Expression von
- 30 Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

35

42

Die Erfindung betrifft ferner einen genetisch veränderten Organismus, enthaltend mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist. Dies ist der Fall, wenn der Ausgangsorganismus keine Ketolase oder eine endogen Ketolase aufweist und eine transgene Ketolase überexprimiert wird.

Die Erfindung betrifft ferner einen genetisch veränderten Organismus, enthaltend mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist. Dies ist der Fall, wenn der Ausgangsorganismus eine endogen Ketolase aufweist und die endogene Ketolase überexprimiert wird.

Besonders bevorzugte, genetisch veränderte Organismen weisen, wie vorstehend erwähnt, zusätzlich eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder β -Cyclase-Aktivität gegenüber einem Wildtyporganismus auf. Weiter bevorzugte Ausführungsformen sind vorstehend im erfindungsgemäßen Verfahren beschrieben.

Unter Organismen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Organismen verstanden, die als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung und/oder Umregulierung der Stoffwechselwege in der Lage sind, Carotinoide, insbesondere β -Carotin und/oder Zeaxanthin und/oder Neoxanthin und/oder Violaxanthin und/oder Lutein herzustellen.

Weiter bevorzugte Organismen weisen als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen bereits eine Hydroxylase-Aktivität auf und sind somit als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen in der Lage, Zeaxanthin herzustellen.

Bevorzugte Organismen sind Pflanzen oder Mikroorganismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

Als Bakterien können sowohl Bakterien verwendet werden, die aufgrund des Einbringens von Genen der Carotinoidbiosynthese eines Carotinoid-produzierenden Organismus

43

- mus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren, wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Escherichia*, die beispielsweise crt-Gene aus *Erwinia* enthalten, als auch Bakterien, die von sich aus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*,
5 *Paracoccus*, *Nostoc* oder Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*.

- Bevorzugte Bakterien sind *Escherichia coli*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia uredovora*, *Agrobacterium aurantiacum*, *Alcaligenes* sp. PC-1, *Flavobacterium* sp. strain R1534, das Cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC6803, *Paracoccus marcusii* oder *Paracoccus carotinifaciens*.
10

- Bevorzugte Hefen sind *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia* oder *Phaffia*. Besonders bevorzugte Hefen sind *Xanthophyllomyces dendrorhous* oder *Phaffia rhodozyma*.
15

- Bevorzugte Pilze sind *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium* oder weitere in Indian Chem. Engr. Section B. Vol. 37, No. 1, 2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

- 20 Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung *Haematococcus*, *Phaedactylum tricomatum*, *Volvox* oder *Dunaliella*. Besonders bevorzugte Algen sind *Haematococcus puvialis* oder *Dunaliella bardawil*.

- Weitere brauchbare Mikroorganismen und deren Herstellung zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind beispielsweise aus der DE-A-199 16 140 bekannt, worauf hiermit Bezug genommen wird.
25

- Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.
30

- 35 Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Ami-*

ca, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*,
Centaurea, *Cheiranthus*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*,
Delonia, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*,
Fremontia, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Gre-*
5 *villea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hibiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*,
Hypochoeris, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lili-*
um, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Marattia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*,
Oenothera, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyracantha*,
Ranunculus, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*, *Silene*, *Silphium*, *Sinapsis*,
10 *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*, *Trollius*, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussi-*
lago, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia*, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der
Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*,
Calendula, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*,
Petunia, *Geranium*, *Tropaeolum* oder *Adonis*.

15 Ganz besonders bevorzugte genetisch veränderte Pflanzen sind ausgewählt aus den
Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Adonis*, *Lycopersicon*,
Rosa, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Nar-*
cissus, *Petunia*, *Geranium* oder *Tropaeolum*, wobei die genetisch veränderte Pflanze
20 mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthält.

Die transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut, sowie deren Pflanzenzellen, -
gewebe oder -teile, insbesondere deren Früchte, Samen, Blüten und Blütenblätter
sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die genetisch veränderten Pflanzen können, wie vorstehend beschrieben, zur Herstel-
lung von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin verwendet werden.

Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Or-
30 ganismen, insbesondere Pflanzen oder Pflanzenteile, wie insbesondere Blütenblätter
mit erhöhtem Gehalt an Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin können auch bei-
spielsweise direkt oder nach an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder
Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden.

45

Ferner können die genetisch veränderten Organismen zur Herstellung von Ketocarotinoid-haltigen Extrakten der Organismen und/oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln verwendet werden.

- 5 Die genetisch veränderten Organismen weisen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden auf.

Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird in der Regel ein erhöhter Gehalt an Gesamt-Ketocarotinoid verstanden.

10

Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird aber auch insbesondere ein veränderter Gehalt der bevorzugten Ketocarotinoide verstanden, ohne dass zwangsläufig der Gesamt-Carotinoidgehalt erhöht sein muss.

- 15 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform weisen die erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Astaxanthin auf.

Unter einem erhöhten Gehalt wird in diesem Fall auch ein verursachter Gehalt an Ketocarotinoiden, bzw. Astaxanthin verstanden.

20

Die Erfindung betrifft ferner die neuen Ketolasen sowie die neuen Nukleinsäuren, die diese kodieren.

- 25 Insbesondere betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 8 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 8 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4 nicht enthalten ist. Die Sequenz SEQ ID NO: 4 ist, wie vorstehend erwähnt, als putatives Protein in Datenbanken annotiert.

30

Ferner betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Amino-

35

säureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 aufweist. Die Sequenz SEQ ID NO: 6 ist, wie vorstehend erwähnt, in Datenbanken nicht annotiert.

5 In einer weiteren Ausführungsform betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 12 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 12 aufweist, mit der
10 Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 6 nicht enthalten ist.

Ferner betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 49 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50 %, vorzugsweise mindestens 60%, besonders bevorzugt mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 49 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 47 nicht enthalten ist. Die Sequenz SEQ ID NO: 47 ist, wie vorstehend erwähnt, als putatives Protein in Datenbanken annotiert.

20

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäuren, kodierend ein vorstehend beschriebenes Protein, mit der Maßgabe, dass die Nukleinsäure nicht die Sequenz SEQ ID NO: 5 enthält.

25 Überraschenderweise wurde gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95%
30 auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von
35 mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens

47

80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

- 5 Ferner wurde überraschenderweise gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

- 15 Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70 %, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

- 25 Ferner wurde überraschenderweise gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 47 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60 %, vorzugsweise mindestens 70%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 47 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

- 30 Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 47 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60 %, vorzugsweise mindestens 70%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter
- 35

mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 47 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

Im Vergleich zu den Verfahren des Standes der Technik, liefert das erfindungsgemäße
5 Verfahren eine höhere Menge an Ketocarotinoide, insbesondere Astaxanthin mit einer geringeren Menge an hydroxylierten Nebenprodukten.

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

10

Allgemeine Experimentelle Bedingungen:
Sequenzanalyse rekombinanter DNA

15

Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenzierer der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463-5467).

Beispiel 1:

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NOST-Ketolase aus

20

Nostoc sp. PCC 7120 codiert

Die DNA, die für die NOST-Ketolase aus *Nostoc sp. PCC 7120* kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc sp. PCC 7120* (Stamm der "Pasteur Culture Collection of Cyanobacterium") amplifiziert.

25

Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc sp. PCC 7120*, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·xH₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml trace metal mix A5+Co (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l NaMoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

35

Protokoll für DNA Isolation aus *Nostoc* PCC7120:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10minütige Zentrifugation bei 8 000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10mM Tris HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf Reaktionsgefäß (2ml Volumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf Reaktionsgefäß überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc* PCC 7120, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc* sp. PCC 7120 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NOSTF, SEQ ID No. 19) und eines antisense-spezifischen Primers (NOSTG SEQ ID No. 20) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer *Nostoc* sp. PCC 7120 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NOSTF (SEQ ID No. 19)
- 0.2 mM NOSTG (SEQ ID No. 20)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X 94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 55°C 1 Minuten
- 5 72°C 3 Minuten
- 1X 72°C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 19 und SEQ ID No. 20 resultierte in einem 805 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 21). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-T (Promega) kloniert und der Klon pNOSTF-G erhalten.

Sequenzierung des Klons pNOSTF-G mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 88,886-89,662 des Datenbankeintrages AP003592 identisch ist. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc sp. PCC 7120*.

Dieser Klon pNOSTF-G wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 799 Bp SphI-Fragmentes aus pNOSTF-G und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der die Ketolase von *Nostoc sp. PCC 7120* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJNOST.

Beispiel 2:

Konstruktion des Plasmides pMCL-CrtYIBZ/idi/gps für die Synthese von Zeaxanthin in *E. coli*

30

Die Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ/idi/gps erfolgte in drei Schritten über die Zwischenstufen pMCL-CrtYIBZ und pMCL-CrtYIBZ/idi. Als Vektor wurde das mit high-copy-number Vektoren kompatible Plasmid pMCL200 verwendet (Nakano, Y., Yoshida, Y., Yamashita, Y. und Koga, T.; Construction of a series of pACYC-derived plasmid vectors; Gene 162 (1995), 157-158).

35

Beispiel 2.1.: Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ

Die Biosynthesegene *crtY*, *crtB*, *crtI* und *crtZ* entstammen dem Bakterium *Erwinia uredovora* und wurden mittels PCR amplifiziert. Genomische DNA von *Erwinia uredovora* (DSM 30080) wurde von der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig) innerhalb eines Service-Dienstes präpariert. Die PCR-Reaktion wurde entsprechend den Angaben des Herstellers durchgeführt (Roche, Long Template PCR: Procedure for amplification of 5-20 kb targets with the expand long template PCR system). Die PCR-Bedingungen für die Amplifikation des Biosynthesecusters von *Erwinia uredovora* waren die folgenden:

10

Master Mix 1:

- 1.75 μ l dNTPs (Endkonzentration 350 μ M)
- 0.3 μ M Primer Crt1 (SEQ ID No. 22)
- 15 - 0.3 μ M Primer Crt2 (SEQ ID No. 23)
- 250 – 500 ng genomische DNA von DSM 30080

Aq. Dest. bis zu einem Gesamtvolumen von 50 μ l

Master Mix 2:

20

- 5 μ l 10x PCR Puffer 1 (Endkonzentration 1x, mit 1.75 mM Mg²⁺)
- 10x PCR Puffer 2 (Endkonzentration 1x, mit 2.25 mM Mg²⁺)
- 10x PCR Puffer 3 (Endkonzentration 1x, mit 2.25 mM Mg²⁺)
- 0.75 μ l Expand Long Template Enzyme Mix (Endkonzentration 2.6 Units)

25 Aq. Dest. bis zu einem Gesamtvolumen von 50 μ l

Die beiden Ansätze "Master Mix 1" und "Master Mix 2" wurden zusammenpipetiert. Die PCR wurde in einem Gesamtvolumen von 50 μ l unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

30

1X 94°C 2 Minuten

30X 94°C 30 Sekunden

58°C 1 Minute

68°C 4 Minuten

35 1X 72°C 10 Minuten

52

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 22 und SEQ ID No. 23 resultierte in einem Fragment (SEQ ID NO: 24), das für die Gene *CrtY* (Protein: SEQ ID NO: 25), *CrtI* (Protein: SEQ ID NO: 26), *crtB* (Protein: SEQ ID NO: 27) und *CrtZ* (*idNA*) kodiert. Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-

5 Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pCR2.1-CrtYIBZ erhalten.

Das Plasmid pCR2.1-CrtYIBZ wurde Sall und HindIII geschnitten, das resultierende Sall/HindIII-Fragment isoliert und durch Ligierung in den Sall/HindIII geschnittenen Vektor pMCL200 transferiert. Das in pMCL 200 klonierte Sall/HindIII Fragment aus
10 pCR2.1-CrtYIBZ ist 4624 Bp lang, kodiert für die Gene *CrtY*, *CrtI*, *crtB* und *CrtZ* und entspricht der Sequenz von Position 2295 bis 6918 in D90087 (SEQ ID No. 24). Der resultierende Klon heisst pMCL-CrtYIBZ.

Beispiel 2.2.: Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ/*idi*

15 Das Gen *idi* (Isopentenylidiphosphat-Isomerase; IPP-Isomerase) wurde aus *E. coli* mittels PCR amplifiziert. Die Nukleinsäure, kodierend das gesamte *idi* Gen mit *idi*-Promotor und Ribosomenbindestelle, wurde aus *E. coli* mittels "polymerase chain reaction" (PCR) unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (5'-*idi* SEQ ID No. 28) und eines antisense-spezifischen Primers (3'-*idi* SEQ ID No. 29) amplifiziert.

20

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

25

- 1 µl einer *E. coli* TOP10- Suspension
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM 5'-*idi* (SEQ ID No. 28)
- 0.2 mM 3'-*idi* (SEQ ID No. 29)
- 30 - 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest

35

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X 94°C 2 Minuten
20X 94°C 1 Minute
62 °C 1 Minute
72°C 1 Minute
5 1X 72°C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 28 und SEQ ID No. 29 resultierte in einem 679 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 30). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in
10 den PCR-Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pCR2.1-idi erhalten.

Sequenzierung des Klon pCR2.1-idi bestätigte eine Sequenz, die sich nicht von der publizierten Sequenz AE000372 in Position 8774 bis Position 9440 unterscheidet. Diese Region umfaßt die Promotor-Region, die potentielle Ribosomenbindestelle und den
15 gesamten "open reading frame" für die IPP-Isomerase. Das in pCR2.1-idi klonierte Fragment hat durch das Einfügen einer XhoI-Schnittstelle am 5'-Ende und einer Sall-Schnittstelle am 3'-Ende des *idi*-Gens eine Gesamtlänge von 679 Bp.

20 Dieser Klon wurde daher für die Klonierung des *idi*-Gens in den Vektor pMCL-CrtYIBZ verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des XhoI/Sall-Fragmentes aus pCR2.1-idi und Ligierung in den XhoI/Sall geschnittenen Vektor pMCL-CrtYIBZ. Der resultierende Klon heisst pMCL-CrtYIBZ/*idi*.

25 Beispiel 2.3.: Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ/*idi*/*gps*

Das Gen *gps* (Geranylgeranylpyrophosphat-Synthase; ; GGPP-Synthase) wurde aus *Archaeoglobus fulgidus* mittels PCR amplifiziert. Die Nukleinsäure, kodierend *gps* aus *Archaeoglobus fulgidus*, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (5'-*gps* SEQ ID No. 32) und eines anti-
30 sense-spezifischen Primers (3'-*gps* SEQ ID No. 33) amplifiziert.

Die DNA von *Archaeoglobus fulgidus* wurde von der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig) innerhalb eines Service-Dienstes präpariert. Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

54

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein GGPP-Synthase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 5 - 1 ul einer *Archaeoglobus fulgidus*-DNA
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM 5'-gps (SEQ ID No. 32)
- 0.2 mM 3'-gps (SEQ ID No. 33)
- 5 ul 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 10 - 0.25 ul R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 15 1X 94°C 2 Minuten
- 20X 94°C 1 Minute
- 56°C 1 Minute
- 72°C 1 Minute
- 1X 72°C 10 Minuten

20

Das mittels PCR und den Primern SEQ ID No. 32 und SEQ ID No. 33 amplifizierte DNA-Fragment wurde mit an sich bekannten Methoden aus dem Agarosegel eluiert und mit den Restriktionsenzymen NcoI und HindIII geschnitten. Daraus resultiert ein 962 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz

25 kodiert (SEQ ID No. 34). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das NcoI/HindIII geschnittene Amplifikat in den Vektor pCB97-30 kloniert und der Klon pCB-gps erhalten.

- Sequenzierung des Klons pCB-gps bestätigte eine Sequenz für die GGPP-Synthase
- 30 aus *A. fulgidus*, die sich von der publizierten Sequenz AF120272 in einem Nukleotid unterscheidet. Durch das Einfügen einer NcoI-Schnittstelle im *gps*-Gen wurde das zweite Kodon der GGPP-Synthase verändert. In der publizierten Sequenz AF120272 kodiert CTG (Position 4-6) für Leucin. Durch die Amplifikation mit den beiden Primern SEQ ID No. 32 und SEQ ID No. 33 wurde dieses zweite Kodon in GTG verändert, welches für Valin kodiert.
- 35

Der Klon pCB-gps wurde daher für die Klonierung des *gps*-Gens in den Vektor pMCL-CrtYIBZ/idi verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des KpnI/XhoI-Fragmentes aus pCB-gps und Ligierung in den KpnI und XhoI geschnittenen Vektor pMCL-CrtYIBZ/idi. Das klonierte KpnI/XhoI-Fragment (SEQ ID No. 34) trägt den

5 Prm16-Promotor zusammen mit einer minimalen 5'-UTR-Sequenz von *rbcl*, den ersten 6 Kodons von *rbcl*, die die GGPP-Synthase N-terminal verlängern, und 3' vom *gps*-Gen die *psbA*-Sequenz. Der N-Terminus der GGPP-Synthase hat somit anstelle der natürlichen Aminosäure-Abfolge mit Met-Leu-Lys-Glu (Aminosäure 1 bis 4 aus AF120272) die veränderte Aminosäure-Abfolge Met-Thr-Pro-Gln-Thr-Ala-Met-Val-Lys-

10 Glu. Daraus resultiert, dass die rekombinante GGPP-Synthase, beginnend mit Lys in Position 3 (in AF120272) identisch ist und keine weiteren Änderungen in der Aminosäuresequenz aufweist. Die *rbcl*- und *psbA*-Sequenzen wurden gemäß einer Referenz nach Eibl et al. (Plant J. 19. (1999), 1-13) verwendet. Der resultierende Klon heisst pMCL-CrtYIBZ/idi/gps.

15

Beispiel 3:

Biotransformation von Zeaxanthin in rekombinanten *E. coli*-Stämmen

Zur Zeaxanthin-Biotransformation wurden rekombinante *E. coli*-Stämme hergestellt,

20 welche durch heterologe Komplementation zur Zeaxanthin-Produktion befähigt sind. Stämme von *E. coli* TOP10 wurden als Wirtszellen für die Komplementations-Experimente mit den Plasmiden pNOSTF-G und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps verwendet.

Um *E. coli*-Stämme herzustellen, die die Synthese von Zeaxanthin in hoher Konzentration ermöglichen, wurde das Plasmid pMCL-CrtYIBZ/idi/gps konstruiert. Das Plasmid

25 trägt die Bioynthesegene *crtY*, *crtB*, *crtI* und *crtY* von *Erwinia uredovora*, das Gen *gps* (für Geranylgeranylpyrophosphat-Synthase) aus *Archaeoglobus fulgidus* und das Gen *idi* (Isopentenylidiphosphat-Isomerase) aus *E. coli*. Mit diesem Konstrukt wurden limitierende Schritte für eine hohe Akkumulation von Carotinoiden und deren bio-

30 synthetischen Vorstufen beseitigt. Dies wurde zuvor von Wang et al. in ähnlicher Weise mit mehreren Plasmiden beschrieben (Wang, C.-W., Oh, M.-K. und Liao, J.C.; Engineered isoprenoid pathway enhances astaxanthin production in Escherichia coli, Biotechnology and Bioengineering 62 (1999), 235-241).

Kulturen von *E.coli* TOP10 wurden in an sich bekannter Weise mit den beiden Plasmiden pNOSTF-G und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps transformiert und in LB-Medium bei 30°C bzw. 37°C über Nacht kultiviert. Ampicillin (50 µg/ml), Chloramphenicol (50 µg/ml) und Isopropyl-β-thiogalactosid (1 mmol) wurden in an sich üblicher Weise ebenfalls über

5 Nacht zugegeben.

Zur Isolierung der Carotinoide aus den rekombinanten Stämmen wurden die Zellen mit Aceton extrahiert, das organische Lösungsmittel zur Trockne eingedampft und die Carotinoide mittels HPLC über eine C30-Säule aufgetrennt. Folgende Verfahrensbedingungen wurden eingestellt.

10

Trennsäule: ProntoSIL C30-Säule, 250 x 4,6 mm, (Bischoff, Leonberg)

Flussrate: 1.0 ml/min

Eluenten: Laufmittel A - 100% Methanol

15 Laufmittel B - 80% Methanol, 0.2% Ammoniumacetat

Laufmittel C - 100% t-Butyl-methylether

Gradientprofil:

Zeit	Flussrate	% Laufmittel A	% Laufmittel B	% Laufmittel C
1.00	1.0	95.0	5.0	0
1.05	1.0	80.0	5.0	15.0
14.00	1.0	42.0	5.0	53.0
14.05	1.0	95.0	5.0	0
17.00	1.0	95.0	5.0	0
18.00	1.0	95.0	5.0	0

20

Detektion: 300 - 500 nm

Die Spektren wurden direkt aus den Elutionspeaks unter Verwendung eines Photodiodenarraydetektors bestimmt. Die isolierten Substanzen wurden über ihre Absorptionsspektren und ihre Retentionszeiten im Vergleich zu Standardproben identifiziert.

25

Abbildung 1 zeigt die chromatographische Analyse einer Probe erhalten aus einem mit pNOSTF-G und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps transformierten *E. coli*-Stamm. Es zeigt sich,

daß dieser Stamm aufgrund der heterologen Komplementation verschiedene Ketocarotinoide synthetisieren kann. Mit zunehmender Retentionszeit werden Astaxanthin (Peak 1), Adonirubin (Peak 2) und Canthaxanthin (Peak 3) eluiert.

5 Beispiel 3.1

Vergleichsbeispiel

Analog zu den vorhergehenden Beispielen wurde als Vergleichsbeispiel ein *E.coli*-Stamm hergestellt, der eine Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille exprimiert. Dazu wurde die cDNA die für die gesamte Primärsequenz der Ketolase aus
10 *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille codiert amplifiziert und gemäß Beispiel 1 in den gleichen Expressionsvektor kloniert.

Die cDNA, die für die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* codiert, wurde mittels
15 PCR aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80 der "Sammlung von Algenkulturen der Universität Göttingen") Suspensionskultur amplifiziert. Für die Präparation von Total-RNA aus einer Suspensionskultur von *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80), die 2 Wochen mit indirektem Tageslicht bei Raumtemperatur in *Haematococcus*-Medium (1.2 g/l Natriumacetat, 2 g/l Hefeextrakt, 0.2 g/l $MgCl_2 \cdot 6H_2O$, 0.02 $CaCl_2 \cdot 2H_2O$;
20 pH 6.8; nach Autoklavieren Zugabe von 400 mg/l L-Asparagin, 10 mg/l $FeSO_4 \cdot xH_2O$) gewachsen war, wurden die Zellen geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert. Anschließend wurden 100 mg der gefrorenen, pulverisierten Algenzellen in ein Reaktionsgefäß überführt und in 0.8 ml Trizol-Puffer (Life Technologies) aufgenommen. Die Suspension wurde mit 0.2 ml Chloroform extrahiert. Nach
25 minütiger Zentrifugation bei 12 000 g wurde der wässrige Überstand abgenommen und in ein neues Reaktionsgefäß überführt und mit einem Volumen Ethanol extrahiert. Die RNA wurde mit einem Volumen Isopropanol gefällt, mit 75% Ethanol gewaschen und das Pellet in DEPC Wasser (über Nacht Inkubation von Wasser mit 1/1000 Volumen Diethylpyrocarbonat bei Raumtemperatur, anschließend autoklaviert) gelöst. Die RNA-
30 Konzentration wurde photometrisch bestimmt.

Für die cDNA-Synthese wurden 2.5 µg Gesamt-RNA für 10 min bei 60°C denaturiert, für 2 min auf Eis abgekühlt und mittels eines cDNA-Kits (Ready-to-go-you-prime-beads, Pharmacia Biotech) nach Herstellerangaben unter Verwendung eines antisense
35 spezifischen Primers PR1 (gcaagctcga cagctacaaa cc) in cDNA umgeschrieben.

Die Nukleinsäure codierend eine Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Haematococcus pluvialis* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers PR2 (gaagcatgca gctagcagcg acag) und eines antisense spezifischen Primers PR1 amplifiziert.

5

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der cDNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz codiert, erfolgte in einem 50 ml Reaktionsansatz, in dem

10 enthalten war:

- 4 ml einer *Haematococcus pluvialis* cDNA (hergestellt wie oben beschrieben).
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR1
- 15 - 0.2 mM PR2
- 5 ml 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 ml R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 ml Aq. Dest.

20 Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94_C 2 Minuten
 35X 94_C 1 Minute
 53_C 2 Minuten
 25 72_C 3 Minuten
 1X 72_C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit PR1 und PR2 resultierte in einem 1155 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz codiert:

30 gaagcatgca gctagcagcg acagtaatgt tggagcagct taccggaagc gctgaggcac 60
 tcaaggagaa ggagaaggag gttgcaggca gctctgacgt gttgcgtaca tgggcgaccc 120
 agtactcgct tccgtcagag gagtcagacg cggcccgccc gggactgaag aatgcctaca 180
 agccaccacc ttccgacaca aagggcatca caatggcgct agctgtcatc ggctcctggg 240
 35 ccgcagtgtt cctccacgcc atttttcaaa tcaagcttcc gacctccttg gaccagctgc 300
 actggctgcc cgtgtcagat gccacagctc agctggtttag cggcagcagc agcctgctgc 360
 acatcgctcgt agtattcttt gtcctggagt tcctgtacac aggccttttt atcaccacgc 420
 atgatgctat gcatggcacc atcgccatga gaaacaggca gcttaatgac ttcttgggca 480
 gagtatgcat ctccctgtac gcctgggttg attacaacat gctgcaccgc aagcattggg 540
 40 agcaccacaa ccacactggc gaggtgggca aggaccctga cttccacagg ggaaaccctg 600
 gcattgtgcc ctggtttgcc agcttcatgt ccagctacat gtcgatgtgg cagtttgccg 660
 gcctcgcagc gtggacggtg gtcagtcagc tgctgggtgc gccaatggcg aacctgctgg 720

59

5 tgttcatggc ggccgcgccc atcctgtccg ccttcogctt gttctacttt ggcacgtaca 780
 tgccccacaa gcctgagcct ggcgcgcgt caggctcttc accagccgtc atgaactggt 840
 ggaagtgcgc cactagccag gcgtccgacc tggtcagctt tctgacctgc taccacttcg 900
 acctgcaactg ggagcaccac cgctggccct ttgccccctg gtgggagctg cccaactgcc 960
 gccgcctgtc tggccgaggt ctggttcctg cctagctgga cacactgcag tgggcccctgc 1020
 tgccagctgg gcatgcaggt tgtggcagga ctgggtgagg tgaaaagctg caggcgctgc 1080
 tgccggacac gctgcatggg ctaccctgtg tagctgccgc cactagggga gggggtttgt 1140
 agctgtcgag cttgc

10

Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-Teasy (Promega) kloniert und der Klon pGKETO2 erhalten.

15 Sequenzierung des Klons pGKETO2 mit dem T7- und dem SP6-Primer bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich in den drei Codons 73, 114 und 119 in je einer Base von der publizierten Sequenz X86782 unterscheidet. Diese Nukleotidaustausche wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Haematococcus pluvialis* Stamm 192.80.

20 Dieser Klon wurde für die Klonierung in den unter Beispiel 1 beschriebenen Expressionsvektor verwendet. Die Klonierung erfolgte analog wie in Beispiel 1 beschrieben. Die Transformation der *E. coli* Stämme, deren Kultivierung und die Analyse des Carotinoidprofils erfolgte wie in Beispiel 3 beschrieben.

25 Abbildung 2 zeigt die chromatographische Analyse einer Probe erhalten aus einem mit diesem Expressionsvektor und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps transformierten *E. coli*-Stamm. Unter Verwendung einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis*, wie beispielsweise in EP 725137 beschrieben, eluieren mit zunehmender Retentionszeit Astaxanthin (Peak 1), Adonixanthin (Peak 2) und nicht umgesetztes Zeaxanthin (Peak 3). Dieses Carotinoidprofil wurde bereits in EP 0725137 beschrieben.

30 Tabelle 1 zeigt einen Vergleich der bakteriell produzierten Carotinoidmengen:

35 Tabelle 1: Vergleich der bakteriellen Ketocarotinoid-Synthese bei Verwendung zweier verschiedener Ketolasen, der erfindungsgemäßen NOST-Ketolase aus *Nostoc* sp. PCC7120 (Beispiel 3) und der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* als Vergleichsbeispiel (Beispiel 3.1). Carotinoidmengen sind in ng/ ml Kulturflüssigkeit angegeben.

Ketolase aus	Astaxanthin	Adonirubin	Adonixanthin	Canthaxanthin	Zeaxanthin
<i>Haematococcus pluvialis</i> <i>Flotow em. Wille</i> (Vergleichsbeispiel)	13		102		738
<i>Nostoc sp. Strain</i> <i>PCC7120</i>	491	186		120	

Die erfindungsgemäße Expression der Ketolase aus *Nostoc sp. Strain PCC7120* führt zu einem Carotinoidmuster, welches sich von dem Carotinoidmuster nach Expression einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* deutlich unterscheidet. Während die Ketolase aus dem Stand der Technik nur sehr unvollständig das gewünschte Ketocarotinoid Astaxanthin liefert; ist Astaxanthin bei der Verwendung der erfindungsgemäßen Ketolase das Hauptprodukt. Im erfindungsgemäßen Verfahren treten hydroxylierte Nebenprodukte in einer deutlich geringeren Menge auf.

10 Beispiel 4:

Herstellung von Expressionsvektoren zur konstitutiven Expression der *Nostoc sp. PCC 7120* NOST-Ketolase in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

Die Expression der NOST-Ketolase aus *Nostoc sp. PCC7120* in *L. esculentum* und in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle des konstitutiven Promoters FNR (Ferredoxin-NADPH- Oxidoreductase, Datenbankeintrag AB011474 Position 70127 bis 69493; WO03/006660), aus *Arabidopsis thaliana*. Das FNR-Gen beginnt bei Basenpaar 69492 und ist mit "Ferredoxin-NADP+ Reductase" annotiert. Die Expression erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715).

20

Das DNA Fragment, das die FNR Promotorregion aus *Arabidopsis thaliana* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) sowie der Primer FNR-A (SEQ ID No.38) und FNR-B (SEQ ID No. 39) hergestellt.

25

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das FNR-Promotorfragment FNR#1) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

30

61

- 100 ng genomischer DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM FNR-A (SEQ ID No. 38)
- 0.2 mM FNR-B (SEQ ID No. 39)
- 5 - 5 ul 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 ul Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

10

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

15 1X 72°C 10 Minuten

Das 647 bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pFNR#1 erhalten.

- 20 Sequenzierung des Klon pFNR#1 bestätigte eine Sequenz, die mit einem Sequenzabschnitt auf Chromosom 5 von *Arabidopsis thaliana* (Datenbankeintrag AB011474; WO03/006660) von Position 70127 bis 69493 übereinstimmt. Das FNR-Gen beginnt bei Basenpaar 69492 und ist mit "Ferredoxin-NADP+ Reductase" annotiert.

- 25 pFNR wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

- Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 637 bp SacI-HindIII Fragmentes aus pFNR#1 (partielle SacI Hydrolyse) und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der den Promoter FNR#1 anstelle des ursprünglichen Promotors d35S enthält, heisst pJITFNR.
- 30

Zur Herstellung einer Expressionskassette pJFNRNOST wurde das 799 bp SpHI-Fragment NOSTF-G (in Beispiel 1 beschrieben) in den SpHI geschnittenen Vektor

pJITFNR kloniert. Der Klon, der das Fragment NOSTF-G in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem *rbcS* Transitpeptid enthält, heisst pJFNRNOST.

5 Die Herstellung einer Expressionskassette für die *Agrobacterium* vermittelte Transformation der Ketolase aus *Nostoc* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

10 Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3FNR:NOST (MSP101) wurde das 2.425 bp *SacI*-*XhoI* Fragment (partielle *SacI* Hydrolyse) aus pJFNRNOST mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abbildung 3, Konstruktkarte). In der Abbildung 3 beinhaltet Fragment *FNR-Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP Fragment* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *Nost Ketolase CDS* (777 bp) die gesamte Primärsequenz, kodierend für die *Nostoc* Ketolase, Fragment *35S Term* (746 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

15 Die Herstellung einer Expressionskassette für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation des Expressionsvektor mit der Ketolase aus *Nostoc* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

20 Zur Herstellung des *Tagetes*-Expressionsvektors pS5FNR:NOST (MSP102) wurde das 2.425 bp *SacI*-*XhoI* Fragment (partielle *SacI* Hydrolyse) aus pJFNRNOST mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 4, Konstruktkarte). In der Abbildung 4 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS Transit Peptide* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *Nost Ketolase* (777 bp) die gesamte Primärsequenz, kodierend für die *Nostoc* Ketolase, Fragment *35S Terminator* (746 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

30 Beispiel 5:
Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der *Nostoc sp. PCC 7120* NOST-Ketolase in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

35 Die Expression der Ketolase aus *Nostoc* in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid *rbcS* aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle einer modifizierten Version AP3P des blütenspezifischen Promoters AP3 aus *Arabidopsis thaliana* (AL132971: Nukleotidregion 9298-10200; Hill et al. (1998) Development 125: 1711-1721).

Das DNA Fragment, das die AP3 Promoterregion -902 bis +15 aus *Arabidopsis thaliana* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) sowie der Primer AP3-1 (SEQ ID No.41) und AP3-2 (SEQ ID No. 42) hergestellt.

5

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das AP3-Promoterfragment (-902 bis +15) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

10

- 100 ng genomischer DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM AP3-1 (SEQ ID No. 41)
- 0.2 mM AP3-2 (SEQ ID No. 42)

15

- 5 ul 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 ul Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

20

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

25

1X 72°C 10 Minuten

Das 929 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pAP3 erhalten.

30

Sequenzierung des Klons pAP3 bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich in durch eine Insertion (ein G in Position 9765 der Sequenz AL132971) und einen Basenaustausch (ein G statt ein A in Position 9726 der Sequenz AL132971) von der publizierten AP3 Sequenz (AL132971, Nukleotidregion 9298-10200) unterscheidet. Diese Nukleotidunterschiede wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert

und repräsentieren somit die tatsächliche Nukleotidsequenz in den verwendeten *Arabidopsis thaliana* Pflanzen.

Die modifizierte Version AP3P wurde mittels rekombinanter PCR unter Verwendung
5 des Plasmids pAP3 hergestellt. Die Region 10200 - 9771 wurde mit den Primern AP3-1 (SEQ ID No. 41) und Primern AP3-4 (SEQ ID No. 44) amplifiziert (Amplifikat A1/4), die Region 9526-9285 wurde mit den AP3-3 (SEQ ID No. 43) und AP3-2 (SEQ ID No. 42) amplifiziert (Amplifikat A2/3).

10 Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR-Reaktionen zur Amplifikation der DNA-Fragmente, die die Regionen Region 10200 - 9771 und Region 9526-9285 des AP3 Promoters beinhalten, erfolgte in 50 µl Reaktionsansätzen, in denen enthalten war:

15

- 100 ng AP3 Amplifikat (oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM sense Primer (AP3-1 SEQ ID No. 41 bzw. AP3-3 SEQ ID No. 43)
- 0.2 mM antisense Primer (AP3-4 SEQ ID No. 44 bzw. AP3-2 SEQ ID No. 42)
- 20 - 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

25

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

30

1X 72°C 10 Minuten

Die rekombinante PCR beinhaltet Annealing der sich über eine Sequenz von 25 Nukleotiden überlappenden Amplifikate A1/4 und A2/3, Vervollständigung zu einem Doppelstrang und anschließende Amplifizierung. Dadurch entsteht eine modifizierte
35 Version des AP3 Promoters, AP3P, in dem die Positionen 9670 - 9526 deletiert sind.

65

Die Denaturierung (5 min bei 95°C) und Annealing (langsame Abkühlung bei Raumtemperatur auf 40°C) beider Amplifikate A1/4 und A2/3 erfolgte in einem 17.6 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 5
- 0.5 µg A1/4 Amplifikat
 - 0.25 µg A2/3 Amplifikat

Das Auffüllen der 3'-Enden (30 min bei 30°C) erfolgte in einem 20 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

10

- 17.6 µl A1/4 und A2/3-Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 50 µM dNTPs
- 2 µl 1X Klenow Puffer
- 2U Klenow Enzym

15

Die Nukleinsäure kodierend für die modifizierte Promoterversion AP3P wurde mittels PCR unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (AP3-1 SEQ ID No. 41) und eines antisense spezifischen Primers (AP3-2 SEQ ID No. 42) amplifiziert.

- 20 Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des AP3P Fragmentes erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 25
- 1 µl Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
 - 0.25 mM dNTPs
 - 0.2 mM AP3-1 (SEQ ID No. 41)
 - 0.2 mM AP3-2 (SEQ ID No. 42)
 - 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)

30

 - 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
 - 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 35
- 1X 94°C 2 Minuten
 - 35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

- 5 Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 41 (AP3-1) und SEQ ID No. 42 (AP3-2) resultierte in einem 777 Bp Fragment, das für die modifizierte Promoterversion AP3P kodiert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pAP3P erhalten. Sequenzierungen mit den Primern T7 und M13 bestätigten eine zur Sequenz AL132971, Region 10200-9298 identische Sequenz, wobei die
- 10 interne Region 9285 - 9526 deletiert wurde. Diese Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

- Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 767 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus
- 15 pAP3P und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der den Promoter AP3P anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJITAP3P. Zur Herstellung einer Expressionskassette pJAP3NOST wurde das 799 Bp SphI-Fragment NOSTF-G (in Beispiel 1 beschrieben) in den SphI geschnittenen Vektor pJITAP3P kloniert. Der Klon, der das Fragment NOSTF-G in der korrekten Orientie-
- 20 rung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJAP3PNOST.

- Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der AP3P-kontrollierten Ketolase aus Nostoc in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

- 25 Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3AP3:NOST (MSP103) wurde das 2.555 bp SacI-XhoI Fragment aus pJAP3NOST mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abbildung 5, Konstruktkarte). In der Abbildung 5 beinhaltet Fragment AP3P PROMOTER den modifizierten AP3P Promoter (765 bp), Fragment rbcS TP
- 30 FRAGMENT das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NOST KETOLASE CDS (777bp) die gesamte Primärsequenz kodierend für die Nostoc Ketolase, Fragment 35S TERM (746 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der AP3P-kontrollierten Ketolase aus *Nostoc* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

- 5 Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5AP3:NOST (MSP104) wurde das 2.555 bp SacI-XhoI Fragment aus pS5AP3PNOST mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 6, Konstruktkarte). In der Abbildung 6 beinhaltet Fragment AP3P PROMOTER den modifizierten AP3P Promoter (765 bp), Fragment rbcS TP FRAGMENT das rbcS Transitpeptid aus Erbse (207 bp), Fragment NOST KETOLASE CDS (777 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die *Nostoc* Ketolase, Fragment 35S TERM (746 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

Beispiel 6

- Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert

Die DNA, die für die NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 (Stamm der "American Type Culture Collection") amplifiziert.

- 20 Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc punctiforme* ATCC 29133, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·xH₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml Trace Metal Mix "A5+Co" (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l Na-MoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

- 30 Protokoll für die DNA-Isolation aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133:

- Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10 minütige Zentrifugation bei 8000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10mM Tris_HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß (2ml Vo-

lumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf-Reaktionsgefäß
5 überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

10

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NP196-1, SEQ ID No. 54) und eines antisense-spezifischen Primers (NP196-2 SEQ ID No. 55) amplifiziert.

15

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war

20

- 1 µl einer *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 25 - 0.2 mM NP196-1 (SEQ ID No. 54)
- 0.2 mM NP196-2 (SEQ ID No. 55)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

30

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
35	55°C	1 Minuten

72°C 3 Minuten
1X 72°C 10 Minuten

- Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 54 und SEQ ID No. 55 resultierte in einem 792 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NP196, SEQ ID No. 56). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNP196 erhalten.
- 10 Sequenzierung des Klons pNP196 mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 140.571-139.810 des Datenbank-
eintrages NZ_AABC01000196 identisch ist (inverse orientiert zum veröffentlichten Da-
tenbankeintrag) mit der Ausnahme, daß G in Position 140.571 durch A ersetzt wurde,
um ein Standard-Startkodon ATG zu erzeugen. Diese Nukleotidsequenz wurde in ei-
nem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die
15 Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc punctiforme* ATCC 29133.

Dieser Klon pNP196 wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor
pJIT117(Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

- 20 pJIT117 wurde modifiziert, indem der 35S-Terminator durch den OCS-Terminator (Oc-
topine Synthase) des Ti-Plasmides pTi15955 von *Agrobacterium tumefaciens* (Daten-
bankeintrag X00493 von Position 12,541-12,350, Gielen et al. (1984) EMBO J. 3 835-
846) ersetzt wurde.

- 25 Das DNA-Fragment, das die OCS-Terminatorregion beinhaltet, wurde mittels PCR un-
ter Verwendung des Plasmides pHELLSGATE (Datenbankeintrag AJ311874, Wesley
et al. (2001) Plant J. 27 581-590, nach Standardmethoden aus *E.coli* isoliert) sowie der
Primer OCS-1 (SEQ ID No. 58) und OCS-2 (SEQ ID No. 59) hergestellt.

- 30 Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- Die PCR zur Amplifikation der DNA, die die Octopin Synthase (OCS) Terminatorregion
(SEQ ID No. 60) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten
35 waren:

70

- 100 ng pHELLSGATE plasmid DNA
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM OCS-1 (SEQ ID No. 58)
- 0.2 mM OCS-2 (SEQ ID No. 59)
- 5 - 5 ul 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 ul Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

10

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

15 1X 72°C 10 Minuten

Das 210 bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pOCS erhalten.

- 20 Sequenzierung des Klon pOCS bestätigte eine Sequenz, die mit einem Sequenzabschnitt auf dem Ti-Plasmid pTi15955 von *Agrobacterium tumefaciens* (Datenbankeintrag X00493) von Position 12.541 bis 12.350 übereinstimmt.

- 25 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 210 bp Sall-XhoI Fragmentes aus pOCS und Ligierung in den Sall-XhoI geschnittenen Vektor pJIT117.

Dieser Klon heisst pJO und wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 verwendet.

- 30 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 782 Bp SphI-Fragmentes aus pNP196 und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJO. Der Klon, der die NP196-Ketolase von *Nostoc punctiforme* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONP196.

Beispiel 7:

Herstellung von Expressionsvektoren zur konstitutiven Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

- 5 Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* und in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle des konstitutiven Promoters FNR (Ferredoxin-NADPH- Oxidoreductase, Datenbankeintrag AB011474 Position 70127 bis 69493; WO03/006660), aus *Arabidopsis thaliana*. Das FNR-Gen beginnt bei Basenpaar 69492 und ist mit "Ferredoxin-NADP+ Reductase" annotiert. Die Expression erfolgte mit dem
- 10 Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715).

- Das DNA Fragment, das die FNR Promotorregion aus *Arabidopsis thaliana* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) sowie der Primer FNR-1 (SEQ ID No. 61) und FNR-2
- 15 (SEQ ID No. 62) hergestellt.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das FNR-Promotorfragment FNR (SEQ ID No. 63) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:
- 20

- 100 ng genomischer DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM FNR-1 (SEQ ID No. 61)
- 25 - 0.2 mM FNR-2 (SEQ ID No. 62)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

- 30 Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X 94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 50°C 1 Minute
- 35 72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

Das 652 bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pFNR erhalten.

5

Sequenzierung des Klons pFNR bestätigte eine Sequenz, die mit einem Sequenzabschnitt auf Chromosom 5 von *Arabidopsis thaliana* (Datenbankeintrag AB011474) von Position 70127 bis 69493 übereinstimmt.

- 10 Dieser Klon heisst pFNR und wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet.

- 15 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 644 bp SmaI-HindIII Fragmentes aus pFNR und Ligierung in den Ecl136II-HindIII geschnittenen Vektor pJONP196. Der Klon, der den Promoter FNR anstelle des ursprünglichen Promoters d35S und das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJOFNR:NP196.

- 20 Die Herstellung einer Expressionskassette für die *Agrobacterium* vermittelte Transformation der NP196-Ketolase aus *Nostoc* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

- 25 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP105 wurde das 1.839 bp EcoRI-XhoI Fragment aus pJOFNR:NP196 mit dem EcoRI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abbildung 7, Konstruktkarte). In der Abbildung 7 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von der Octopin- Synthase.

30

Die Herstellung einer Expressionskassette für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation des Expressionsvektor mit der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO 02/00900).

35

73

Zur Herstellung des Tagetes-Expressionsvektors MSP106 wurde das 1.839 bp EcoRI-XhoI Fragment aus pJOFNR:NP196 mit dem EcoRI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 8, Konstruktkarte). In der Abbildung 8 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 8:

- 10 Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*

- 15 Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters EPSPS aus *Petunia hybrida* (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

- 20 Das DNA Fragment, das die EPSPS Promoterregion (SEQ ID No. 66) aus *Petunia hybrida* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Petunia hybrida* isoliert) sowie der Primer EPSPS-1 (SEQ ID No. 64) und EPSPS-2 (SEQ ID No. 65) hergestellt.

- 25 Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das EPSPS-Promoterfragment (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

30

- 100 ng genomischer DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM EPSPS-1 (SEQ ID No. 64)
- 0.2 mM EPSPS-2 (SEQ ID No. 65)
- 35 - 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)

- 28.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 5 1X 94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 50°C 1 Minute
- 72°C 2 Minute
- 1X 72°C 10 Minuten

10

Das 1773 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pEPSPS erhalten.

- 15 Sequenzierung des Klon pEPSPS bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich durch zwei Deletion (Basen ctaagttcagga in Position 46-58 der Sequenz M37029; Basen aaaaatat in Position 1422-1429 der Sequenz M37029) und die Basenaustausche (T statt G in Position 1447 der Sequenz M37029; A statt C in Position 1525 der Sequenz M37029; A statt G in Position 1627 der Sequenz M37029) von der publizierten EPSPS-Sequenz (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787) unterscheidet. Die zwei
- 20 Deletionen und die zwei Basenaustausche an den Positionen 1447 und 1627 der Sequenz M37029 wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die tatsächliche Nukleotidsequenz in den verwendeten Petunia hybrida Pflanzen.

- 25 Der Klon pEPSPS wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet.

- 30 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJONP196. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJOESP:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

- 35 Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NP196-Ketolase aus Nostoc punctiforme ATCC

29133 in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

5 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP107 wurde das 2.961 KB bp SacI-XhoI
Fragment aus pJOESP:NP196 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert
(Abbildung 9, Konstruktkarte). In der Abbildung 9 beinhaltet Fragment EPSPS den
EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid
aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc*
10 *punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

15 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP108 wurde das 2.961 KB bp SacI-XhoI
Fragment aus pJOESP:NP196 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert
(Abbildung 10, Konstruktkarte). In der Abbildung 10 beinhaltet Fragment EPSPS den
EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid
20 aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 9:

25 Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NP195-Ketolase aus
Nostoc punctiforme ATCC 29133 kodiert

Die DNA, die für die NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133* kodiert,
wurde mittels PCR aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133* (Stamm der "American Type
30 Culture Collection") amplifiziert. Die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc punctiforme ATCC 29133* wurde in Beispiel 19 beschrieben.

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133*, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133*
35 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NP195-1, SEQ ID No. 67) und eines antisense-spezifischen Primers (NP195-2 SEQ ID No. 68) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50- μ l Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 μ l einer *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 10 - 0.2 mM NP195-1 (SEQ ID No. 67)
- 0.2 mM NP195-2 (SEQ ID No. 68)
- 5 μ l 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 μ l R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 μ l Aq. Dest.

15

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X 94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 20 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X 72°C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 67 und SEQ ID No. 68 resultierte in einem 819 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NP195, SEQ ID No. 69). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNP195 erhalten.

30 Sequenzierung des Klons pNP195 mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 55,604-56,392 des Datenbankeintrages NZ_AABC010001965 identisch ist, mit der Ausnahme, daß T in Position 55.604 durch A ersetzt wurde, um ein Standard-Startkodon ATG zu erzeugen. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reprodu-

ziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc punctiforme* ATCC 29133.

5 Dieser Klon pNP195 wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJO (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 809 Bp SphI-Fragmentes aus pNP195 und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJO. Der Klon, der die NP195-Ketolase von *Nostoc punctiforme* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONP195.

10

Beispiel 10:

Herstellung von Expressionsvektoren zur konstitutiven Expression der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

15 Die Expression der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* und in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle des konstitutiven Promoters FNR (Ferredoxin-NADPH-Oxidoreductase, Datenbankeintrag AB011474 Position 70127 bis 69493; WO03/006660), aus *Arabidopsis thaliana*. Das FNR-Gen beginnt bei Basenpaar 69492 und ist mit "Ferredoxin-NADP+ Reductase" annotiert. Die Expression erfolgte mit dem
20 Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715).

Der Klon pFNR (in Beispiel 7 beschrieben) wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP195 (in Beispiel 10 beschrieben) verwendet.

25 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 644 bp Sma-HindIII Fragmentes aus pFNR und Ligierung in den Ecl136II-HindIII geschnittenen Vektor pJONP195. Der Klon, der den Promoter FNR anstelle des ursprünglichen Promoters d35S und das Fragment NP195 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJOFNR:NP195.

30

Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacterium vermittelte Transformation der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

35 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP109 wurde das 1.866 bp EcoRI-XhoI Fragment aus pJOFNR:NP195 mit dem EcoRI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 li-

giert (Abbildung 11, Konstruktkarte). In der Abbildung 11 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP195 KETO CDS* (789 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP195-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von der Octopin- Synthase.

Die Herstellung einer Expressionskassette für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation des Expressionsvektor mit der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO 02/00900).

Zur Herstellung des *Tagetes*-Expressionsvektors MSP110 wurde das 1.866 bp EcoRI-XhoI Fragment aus pJOFNR:NP195 mit dem EcoRI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 12, Konstruktkarte). In der Abbildung 12 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP195 KETO CDS* (789 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP195-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 11:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

Die Expression der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters EPSPS aus *Petunia hybrida* (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

Der Klon pEPSPS (in Beispiel 8 beschrieben) wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP195 (in Beispiel 10 beschrieben) verwendet.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJONP195. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst

pJOESP:NP195. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP195 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem *rbcS*-Transitpeptid.

5 Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO 02/00900).

10 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP111 wurde das 2.988 KB bp *SacI*-*XhoI* Fragment aus pJOESP:NP195 mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abbildung 13, Konstruktkarte). In der Abbildung 13 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP195 KETO CDS* (789 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP195-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

20 Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP112 wurde das 2.988 KB bp *SacI*-*XhoI* Fragment aus pJOESP:NP195 mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 14, Konstruktkarte). In der Abbildung 14 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP195 KETO CDS* (789 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP195-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 12:
30 Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 codiert.

Die DNA, die für die Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 kodiert, wurde mittels PCR aus *Nodularia spumignea* NSOR10 amplifiziert.
35

Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nodularia spumigena* NSOR10, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·xH₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml Trace Metal Mix "A5+Co" (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l NaMoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

10 Protokoll für die DNA-Isolation aus *Nodularia spumigena* NSOR10:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10 minütige Zentrifugation bei 8000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 15 10mM Tris_HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß (2ml Volumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf-Reaktionsgefäß 20 überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

25 Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nodularia spumigena* NSOR10, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nodularia spumigena* NSOR10 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NODK-1, SEQ ID No. 71) und eines antisense-spezifischen Primers (NODK-2 SEQ ID No. 72) amplifiziert.

30

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

35

- 1 µl einer *Nodularia spumignea* NSOR10 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NODK-1 (SEQ ID No. 71)
- 5 - 0.2 mM NODK-2 (SEQ ID No. 72)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

10 Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X 94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 55°C 1 Minuten
- 15 72°C 3 Minuten
- 1X 72°C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 71 und SEQ ID No. 72 resultierte in einem 720 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NODK, SEQ ID No. 73). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNODK erhalten.

Sequenzierung des Klons pNODK mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 2130-2819 des Datenbank-eintrages AY210783 identisch ist (inverse orientiert zum veröffentlichten Datenbankeintrag). Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nodularia spumignea* NSOR10.

30

Dieser Klon pNODK wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJ0 (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 710 Bp SphI-Fragmentes aus pNODK und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJ0. Der Klon, der die NODK-Ketolase von *Nodularia spumignea* in der korrekten Orientie-

ung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONODK.

Beispiel 13:

- 5 Herstellung von Expressionsvektoren zur konstitutiven Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

Die Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 in *L. esculentum* und in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle des konstitutiven Promoters FNR
10 (Ferredoxin-NADPH- Oxidoreductase, Datenbankeintrag AB011474 Position 70127 bis 69493; WO03/006660), aus *Arabidopsis thaliana*. Das FNR-Gen beginnt bei Basenpaar 69492 und ist mit "Ferredoxin-NADP+ Reductase" annotiert. Die Expression erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715).

15

Der Klon pFNR (in Beispiel 7 beschrieben) wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONODK (in Beispiel 12 beschrieben) verwendet.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 644 bp Sma-HindIII Fragmentes aus
20 pFNR und Ligierung in den Ecl136II-HindIII geschnittenen Vektor pJONODK. Der Klon, der den Promoter FNR anstelle des ursprünglichen Promoters d35S und das Fragment NODK in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJOFNR:NODK.

- 25 Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacterium vermittelte Transformation der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP113 wurde das 1.767 bp EcoRI-XhoI
30 Fragment aus pJOFNR:NODK mit dem EcoRI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abbildung 15, Konstruktkarte). In der Abbildung 15 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumignea* NSOR10 NODK-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von der Octopin- Synthase.
35

Die Herstellung einer Expressionskassette für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation des Expressionsvektor mit der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* punctiforme in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

5

Zur Herstellung des *Tagetes*-Expressionsvektors MSP114 wurde das 1.767 bp EcoRI-XhoI Fragment aus pJOFNR:NODK mit dem EcoRI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 16, Konstruktkarte). In der Abbildung 16 beinhaltet Fragment *FNR Promotor* den FNR Promotor (635 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NODK KETO CDS (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumignea NSOR10* NODK-Ketolase, Fragment OCS Terminator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

10

Beispiel 14:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

15

Die Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid *rbcS* aus Erbse (Anderson et al: 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters EPSPS aus *Petunia hybrida* (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

20

Der Klon pEPSPS (in Beispiel 8 beschrieben) wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONODK (in Beispiel 12 beschrieben) verwendet.

25

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJONODK. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJOESP:NODK. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NODK in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem *rbcS*-Transitpeptid.

30

Die Herstellung eines Expressionsvektors für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10*

35

in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO 02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP115 wurde das 2.889 KB bp SacI-XhoI
5 Fragment aus pJOESP:NODK mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abbildung 17, Konstruktkarte). In der Abbildung 17 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumigena* *NSOR10* NODK-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.
10

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NODK-Ketolase aus *Nodularia spumigena* *NSOR10* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5
15 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP116 wurde das 2.889 KB bp SacI-XhoI
Fragment aus pJOESP:NODK mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abbildung 18, Konstruktkarte). In der Abbildung 18 beinhaltet Fragment EPSPS den
20 EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumigena* *NSOR10* NODK-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

25 Beispiel 15:

Herstellung transgener *Lycopersicon esculentum* Pflanzen

Transformation und Regeneration von Tomatenpflanzen erfolgte nach der publizierten Methode von Ling und Mitarbeitern (Plant Cell Reports (1998), 17:843-847). Für die
30 Varietät Microtom wurde mit höherer Kanamycin-Konzentration (100mg/L) selektioniert.

Als Ausgangsexplantat für die Transformation dienten Kotyledonen und Hypokotyle sieben bis zehn Tage alter Keimlinge der Linie Microtom. Für die Keimung wurde das Kulturmedium nach Murashige und Skoog (1962: Murashige and Skoog, 1962, Physiol.
35 Plant 15, 473-) mit 2% Saccharose, pH 6,1 verwendet. Die Keimung fand bei 21°C bei wenig Licht (20 - 100 µE) statt. Nach sieben bis zehn Tagen wurden die Kotyledonen

- quer geteilt und die Hypokotyle in ca. 5 - 10 mm lange Abschnitte geschnitten und auf das Medium MSBN (MS, pH 6,1, 3% Saccharose + 1 mg/l BAP, 0,1 mg/l NAA) gelegt, das am Vortag mit suspensionskultivierten Tomatenzellen beschickt wurde. Die Tomatenzellen wurden luftblasenfrei mit sterilem Filterpapier abgedeckt. Die Vorkultur der
- 5 Explantate auf dem beschriebenen Medium erfolgte für drei bis fünf Tage. Zellen des Stammes *Agrobacterium tumefaciens* LBA4404 wurden einzeln mit den Plasmiden pS3FNR:NOST, pS3AP3:NOST, pS3FNR:NP196, pS3EPS:NP196, pS3FNR:NP195, pS3EPS:NP195, pS3FNR:NODK und pS3EPS:NODK transformiert. Von den einzelnen mit den Binärvektoren pS3FNRNOST, pS3AP3NOST, pS3FNR:NP196,
- 10 pS3EPS:NP196, pS3FNR:NP195, pS3EPS:NP195, pS3FNR:NODK und pS3EPS:NODK transformierten *Agrobacterium*-Stämmen wurde jeweils eine Übernachtskultur in YEB Medium mit Kanamycin (20 mg/l) bei 28 °C kultiviert und die Zellen zentrifugiert. Das Bakterienpellet wurde mit flüssigem MS Medium (3% Saccharose, pH 6,1) resuspendiert und auf eine optische Dichte von 0,3 (bei 600 nm) eingestellt.
- 15 Die vorkultivierten Explantate wurden in die Suspension überführt und für 30 Minuten bei Raumtemperatur unter leichtem Schütteln inkubiert. Anschließend wurden die Explantate mit sterilem Filterpapier getrocknet und für die dreitägige Co-Kultur (21°C) auf ihr Vorkulturbedium zurück gelegt.
- 20 Nach der Co-kultur wurden die Explantate auf MSZ2 Medium (MS pH 6,1 + 3% Saccharose, 2 mg/l Zeatin, 100 mg/l Kanamycin, 160 mg/l Timentin) transferiert und für die selektive Regeneration bei 21°C unter Schwachlicht Bedingungen (20 - 100 µE, Licht-rhythmus 16h/8h) aufbewahrt. Alle zwei bis drei Wochen erfolgte der Transfer der Explantate bis sich Sprosse bilden. Kleine Sprosse konnten vom Explantat abgetrennt
- 25 werden und auf MS (pH 6,1 + 3% Saccharose) 160 mg/l Timentin, 30 mg/l Kanamycin, 0,1 mg/l IAA bewurzelt werden. Bewurzelte Pflanzen wurden ins Gewächshaus überführt.
- Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Ex-
- 30 pressionskonstrukten folgende Linien erhalten:
- Mit pS3FNR:NOST wurde erhalten: MSP101-1, MSP101-2, MSP101-3
- Mit pS3AP3:NOST wurde erhalten: MSP103-1, MSP103-2, MSP103-3

Mit pS3FNR:NP196 wurde erhalten: MSP105-1, MSP105-2, MSP105-3

Mit pS3EPS:NP196 wurde erhalten: MSP107-1, MSP107-2, MSP107-3

5 Mit pS3FNR:NP195 wurde erhalten: MSP109-1, MSP109-2, MSP109-3

Mit pS3EPS:NP195 wurde erhalten: MSP111-1, MSP111-2, MSP111-3

Mit pS3FNR:NODK wurde erhalten: MSP113-1, MSP113-2, MSP113-3

10

Mit pS3EPS:NODK wurde erhalten: MSP115-1, MSP115-2, MSP115-3

Beispiel 16:

Herstellung transgener Tagetes Pflanzen

15

Tagetessamen werden sterilisiert und auf Keimungsmedium (MS-Medium; Murashige and Skoog, *Physiol. Plant.* 15(1962), 473-497) pH 5,8, 2% Saccharose) aufgelegt. Die Keimung erfolgt in einem Temperatur/Licht/Zeitintervall von 18-28°C/20-200 μ E/3 - 16 Wochen, bevorzugt jedoch bei 21°C, 20-70 μ E, für 4-8 Wochen.

20

Alle Blätter der sich bis dahin entwickelten in vitro Pflanzen werden geerntet und quer zur Mittelrippe geschnitten. Die dadurch entstehenden Blattexplantate mit einer Größe von 10 - 60 mm² werden im Verlaufe der Präparation in flüssigem MS - Medium bei Raumtemperatur für maximal 2 h aufbewahrt.

25

Ein beliebiger Agrobakterium tumefaciens Stamm, bevorzugt aber ein supervirulenter Stamm, wie z.B. EHA105 mit einem entsprechenden Binärplasmid, das ein Selektionsmarkergen (bevorzugt *bar* oder *pat*) sowie ein oder mehrere Trait- oder Reportergene tragen kann wird (pS5FNR:NOST, pS5AP3:NOST pS5FNR:NP196, pS5EPS:NP196, pS5FNR:NP195, pS5EPS:NP195, pS5FNR:NODK und pS5EPS:NODK), über Nacht angezogen und für die Co-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet. Die Anzucht des Bakterienstammes kann wie folgt erfolgen: Eine Einzelkolonie des entsprechenden Stammes wird in YEB (0,1 % Hefeextrakt, 0,5 % Rindfleischextrakt, 0,5 % Pepton, 0,5 % Saccharose, 0,5 % Magnesiumsulfat x 7 H₂O) mit 25 mg/l Kanamycin angeimpft und bei 28°C für 16 bis 20 h angezogen. Anschließend wird die Bakteriensuspension durch Zentrifugation bei 6000 g für 10 min geerntet und

30

35

derart in flüssigem MS Medium resuspendiert, daß eine OD₆₀₀ von ca. 0,1 bis 0,8 entstand. Diese Suspension wird für die C-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet.

- Unmittelbar vor der Co-Kultivierung wird das MS-Medium, in dem die Blätter aufbewahrt worden sind, durch die Bakteriensuspension ersetzt. Die Inkubation der Blättchen in der Agrobakteriensuspension erfolgte für 30 min unter leichtem Schütteln bei Raumtemperatur. Anschließend werden die infizierten Explantate auf ein mit Agar (z.B. 0,8 % Plant Agar (Duchefa, NL) verfestigtes MS-Medium mit Wachstumsregulatoren, wie beispielsweise 3 mg/l Benzylaminopurin (BAP) sowie 1 mg/l Indolylessigsäure (IAA) aufgelegt. Die Orientierung der Blätter auf dem Medium ist bedeutungslos. Die Kultivierung der Explantate findet für 1 bis 8 Tage, bevorzugt aber für 6 Tage statt, dabei können folgende Bedingungen angewendet werden: Lichtintensität: 30 – 80 $\mu\text{Mol/m}^2 \times \text{sec}$, Temperatur: 22 – 24°C, hell/dunkel Wechsel von 16/8 Stunden. Anschließend werden die co-kultivierten Explantate auf frisches MS-Medium, bevorzugt mit den gleichen Wachstumsregulatoren übertragen, wobei dieses zweite Medium zusätzlich ein Antibiotikum zur Unterdrückung des Bakterienwachstums enthält. Timentin in einer Konzentration von 200 bis 500 mg/l ist für diesen Zweck sehr geeignet. Als zweite selektive Komponente wird eine für die Selektion des Transformationserfolges eingesetzt. Phosphinothricin in einer Konzentration von 1 bis 5 mg/l selektiert sehr effizient, aber auch andere selektive Komponenten gemäß des zu verwendenden Verfahrens sind denkbar.

- Nach jeweils ein bis drei Wochen erfolgt der Transfer der Explantate auf frisches Medium bis sich Sproßknospen und kleine Sprosse entwickeln, die dann auf das gleiche Basalmedium einschließlich Timentin und PPT oder alternative Komponenten mit Wachstumsregulatoren, nämlich z.B. 0,5 mg/l Indolylbuttersäure (IBA) und 0,5 mg/l Gibberellinsäure GA₃, zur Bewurzelung übertragen werden. Bewurzelte Sprosse können ins Gewächshaus überführt werden.

- Zusätzlich zu der beschriebenen Methode sind folgende vorteilhafte Modifikationen möglich:

Bevor die Explantate mit den Bakterien infiziert werden, können sie für 1 bis 12 Tage, bevorzugt 3 - 4, auf das oben beschriebene Medium für die Co-Kultur vorinkubiert

werden. Anschließend erfolgt die Infektion, Co-Kultur und selektive Regeneration wie oben beschrieben.

- 5 Der pH Wert für die Regeneration (normalerweise 5,8) kann auf pH 5,2 gesenkt werden. Dadurch wird die Kontrolle des Agrobakterienwachstums verbessert.

Die Zugabe von AgNO_3 (3 - 10 mg/l) zum Regenerationsmedium verbessert den Zustand der Kultur einschließlich der Regeneration selbst.

- 10 Komponenten, die die Phenolbildung reduzieren und dem Fachmann bekannt sind, wie z.B. Zitronensäure, Ascorbinsäure, PVP u.v.a.m., wirken sich positiv auf die Kultur aus.

- 15 Für das gesamte Verfahren kann auch flüssiges Kulturmedium Verwendung finden. Die Kultur kann auch auf handelsüblichen Trägern, die auf dem flüssigen Medium positioniert werden inkubiert werden.

Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskonstrukten folgende Linien erhalten:

- 20 Mit pS5FNR:NOST wurde beispielsweise erhalten: MSP102-1, MSP102-2, MSP102-3, –

Mit pS5AP3:NOST wurde beispielsweise erhalten: MSP104-1, MSP104-2, MSP104-3

- 25 Mit pS5FNR:NP196 wurde erhalten: MSP106-1, MSP106-2, MSP106-3

Mit pS5EPS:NP196 wurde erhalten: MSP108-1, MSP108-2, MSP108-3

Mit pS5FNR:NP195 wurde erhalten: MSP110-1, MSP110-2, MSP110-3

- 30 Mit pS5EPS:NP195 wurde erhalten: MSP112-1, MSP112-2, MSP112-3

Mit pS5FNR:NODK wurde erhalten: MSP114-1, MSP114-2, MSP114-3

- 35 Mit pS5EPS:NODK wurde erhalten: MSP116-1, MSP116-2, MSP116-3

Beispiel 17

Charakterisierung der transgenen Pflanzenblüten

Beispiel 9.1

5 Trennung von Carotinoidestern in Blütenblättern transgener Pflanzen

Allgemeine Arbeitsvorschrift:

10 Die Blütenblätter der transgenen Pflanzen werden in flüssigem Stickstoff gemörsert und das Petalenpulver (etwa 40 mg) mit 100% Aceton extrahiert (dreimal je 500 µl). Das Lösungsmittel wird evaporiert und die Carotinoide in 100-200 µl Petrolether/Aceton (5:1, v/v) resuspendiert.

15 Die Carotinoide werden in konzentrierter Form mittels Dünnschicht-Chromatographie (TLC) auf Silica60 F254- Platten (Merck) in einem organischen Laufmittel (Petrolether/Aceton; 5:1) entsprechend ihrer Phobizität aufgetrennt. Gelbe (Xanthophyllester), rote (Ketocarotinoidester) und orange Banden (Mischung aus Xanthophyll- und Ketocarotinoidestern) auf der TLC werden ausgekratzt.

20 Die an Silica gebundenen Carotinoide werden dreimal mit 500 µl Aceton eluiert, das Lösungsmittel evaporiert und die Carotinoide mittels HPLC aufgetrennt und identifiziert.

25 Mittels einer C30-reverse phase-Säule kann zwischen Mono- und Diestern der Carotinoide unterschieden werden. HPLC-Laufbedingungen waren nahezu identisch mit einer publizierten Methode (Frazer et al.(2000), Plant Journal 24(4): 551-558). Folgende Verfahrensbedingungen wurden eingestellt.

Trennsäule: ProntoSIL C30-Säule, 250 x 4,6 mm, (Bischoff, Leonberg)

Flussrate: 1.0 ml/min

30 Eluenten: Laufmittel A - 100% Methanol

Laufmittel B - 80% Methanol, 0.2% Ammoniumacetat

Laufmittel C - 100% t-Butyl-methylether

Gradientprofil:

Zeit	Flussrate	% Laufmittel A	% Laufmittel B	% Laufmittel C
12.0	1.0	95.0	5.0	0
12.1	1.0	80.0	5.0	15.0
22.0	1.0	76.0	5.0	19.0
22.0	1.0	66.5	5.0	28.5
38.0	1.0	15.0	5.0	80.0
45.0	1.0	95.0	5.0	0
46.0	1.0	95.0	5.0	0
46.1	1.0	95.0	5.0	0

Detektion: 300 - 500 nm

- 5 Eine Identifizierung der Carotinoide ist aufgrund der UV-VIS-Spektren möglich.

Petalenmaterial der transgenen Tomatenpflanzen wird gemörsert und mit Aceton extrahiert. Extrahierte Carotinoide werden mittels TLC aufgetrennt. In den Linien können Mono- und Diester von Ketocarotinoiden detektiert werden; die Monoester sind in deutlich geringerer Konzentration als die Diester vorhanden.

10

Beispiel 18

Enzymatische Hydrolyse von Carotinoidestern und Identifizierung der Carotinoide

- 15 Allgemeine Arbeitsvorschrift

Gemörsertes Petalenmaterial (30-100 mg Frischgewicht) wird mit 100% Aceton (dreimal 500ul; jeweils etwa 15 Minuten schütteln) extrahiert. Das Lösungsmittel wird evaporiert. Carotinoide werden anschließend in 495 ul Aceton aufgenommen, 4,95 ml Kalium-phosphatpuffer (100 mM, pH7.4) zugegeben und gut gemischt. Danach erfolgt die Zugabe von ca. 17 mg Bile-Salze (Sigma) und 149 µl einer NaCl/CaCl₂-Lösung (3M NaCl und 75 mM CaCl₂). Die Suspension wird für 30 Minuten bei 37°C inkubiert. Für die enzymatische Hydrolyse der Carotinoidester wird 595 µl einer Lipaselösung (50 mg/ml Lipase Typ7 von *Candida rugosa*(Sigma)) zugegeben und unter Schütteln bei 37°C inkubiert. Nach etwa 21 Stunden erfolgte nochmals eine Zugabe von 595 µl Lipase mit erneuter Inkubation von mindestens 5 Stunden bei 37°C. Anschließend werden

20

25

- etwa ca. 700 mg $\text{Na}_2\text{SO}_4 \cdot 10\text{H}_2\text{O}$ in der Lösung gelöst. Nach Zugabe von 1800 μl Petrolether werden die Carotinoide durch kräftig Mischen in die organische Phase extrahiert. Dieses Ausschütteln wird solange wiederholt, bis die organische Phase farblos bleibt. Die Petroletherfraktionen werden vereinigt und der Petrolether evaporiert. Freie
- 5 Carotinoide werden in 100-120 μl Aceton aufgenommen. Mittels HPLC und C30-reverse phase-Säule können freie Carotinoide aufgrund von Retentionszeit und UV-VIS-Spektren identifiziert werden.

Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, und die veränderte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Organismen verwendet, die als Wildtyp bereits eine Ketolase-Aktivität aufweisen, und die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp bewirkt.
3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Ketolase-Aktivität die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht.
4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression Nukleinsäuren in den Organismus einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
5. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Organismen verwendet, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität aufweisen und die genetische Veränderung eine Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp verursacht.
6. Verfahren nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Organismen verwendet, die transgen eine Ketolase, enthaltend die Ami-

nosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, exprimieren.

5

7. Verfahren nach Anspruch 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in die Organismen einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
8. Verfahren nach Anspruch 5 oder 7, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 1 einbringt.
9. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass die Organismen zusätzlich gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und β -Cyclase-Aktivität, aufweisen.
10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass man zur zusätzlichen Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten, die Genexpression mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp erhöht.
11. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression mindestens eine Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase in den Organismus einbringt.
12. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, Nukleinsäuren einbringt, die eine Hydroxylase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren

35

abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 16 aufweist.

- 5 13. Verfahren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 15 einbringt.
- 10 14. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren einbringt, die eine β -Cyclase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 18 aufweist.
- 15 15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 17 einbringt.
- 20 16. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 15, dadurch gekennzeichnet, dass man nach dem Kultivieren die genetisch veränderten Organismen erntet und anschließend die Ketocarotinoide aus den Organismen isoliert.
- 25 17. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 16, dadurch gekennzeichnet daß man als Organismus einen Organismus verwendet, der als Ausgangsorganismus natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung oder Umregulierung von Stoffwechselwegen in der Lage ist, Carotinoide herzustellen.
- 30 18. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 17, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismen Mikroorganismen oder Pflanzen verwendet.
- 35 19. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, daß man als Mikroorganismen Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze verwendet.
20. Verfahren nach Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe *Escherichia*, *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc*, Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*, *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Phaffia*, *Pichia*, *Aspergillus*, *Tri-*

choderma, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium*, *Haemato-*
coccus, *Phaedactylum tricornatum*, *Volvox* oder *Dunaliella*.

21. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organis-
5 mus Pflanzen verwendet.
22. Verfahren nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze
eine Pflanze, ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Pa-
paveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassi-
10 ceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentia-
naceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae,
Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchida-
ceae, Malvaceae, Illiaceae oder Lamiaceae verwendet.
- 15 23. Verfahren nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze
eine Pflanze, ausgewählt aus den Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*,
Tagetes patula, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Arnica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*,
Bignonia, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthus*,
Chrysanthemum, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium* –
20 *um*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*,
Gazania, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*,
Helenium, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hisbiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*,
Hypochoeris, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leonto-*
don, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Maratia*, *Medicago*, *Mimu-*
25 *lus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*,
Potentilla, *Pyracantha*, *Ranunculus*, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*,
Silene, *Silphium*, *Sinapsis*, *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*,
Trollius, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussilago*, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia* verwendet.
- 30 24. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 23, dadurch gekennzeichnet, dass
die Ketocarotinoide ausgewählt sind aus der Gruppe Astaxanthin, Cantha-
xanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und
Adonixanthin.

25. Genetisch veränderter Organismus, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase
- A für den Fall, dass der Wildtyporganismus bereits eine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und
- B für den Fall, dass der Wildtyporganismus keine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht
- und die nach A erhöhte oder nach B verursachte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
26. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, dass die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.
27. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 26, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung oder Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in den Organismus einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
28. Genetisch veränderter Organismus, enthaltend mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion

von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

- 5 29. Genetisch veränderter Organismus, enthaltend mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
- 10 30. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 29, dadurch gekennzeichnet, dass die genetische Veränderung zusätzlich mindestens eine der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und β -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp erhöht.
- 15 31. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 30, dadurch gekennzeichnet daß er als Ausgangsorganismus natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung in der Lage ist, Carotinoide herzustellen.
- 20 32. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 31, ausgewählt aus der Gruppe Mikroorganismen oder Pflanzen.
- 25 33. Genetisch veränderter Mikroorganismus nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.
- 30 34. Genetisch veränderter Mikroorganismus nach Anspruch 33, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe *Escherichia*, *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc*, Cyanobakterien der Gattung *Synechocystis*, *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia*, *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium*, *Haematococcus*, *Phaedactylum tricornatum*, *Volvox* oder *Dunaliella*.
- 35 35. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzen ausgewählt sind aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Bras-

siceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Illiaceae oder Lamiaceae verwendet.

- 5
36. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, dass Pflanzen ausgewählt sind aus den Pflanzengattungen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Acacia, Aconitum, Adonis, Arnica, Aquilegia, Aster, Astragalus, Bignonia, Calendula, Caltha, Campanula, Canna, Centaurea, Cheiranthus, Chrysanthemum, Citrus, Crepis, Crocus, Curcurbita, Cytisus, Delonia, Delphinium, Dianthus, Dimorphotheca, Doronicum, Eschscholtzia, Forsythia, Fremontia, Gazania, Gelsemium, Genista, Gentiana, Geranium, Gerbera, Geum, Grevillea, Helenium, Helianthus, Hepatica, Heracleum, Hisbiscus, Heliopsis, Hypericum, Hypochoeris, Impatiens, Iris, Jacaranda, Kerria, Laburnum, Lathyrus, Leontodon, Lilium, Linum, Lotus, Lycopersicon, Lysimachia, Maratia, Medicago, Mimulus, Narcissus, Oenothera, Osmanthus, Petunia, Photinia, Physalis, Phyteuma, Potentilla, Pyracantha, Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sinapsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussilago, Ulex, Viola oder Zinnia verwendet.
- 10
 - 15
 - 20
37. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36 als Futter- oder Nahrungsmittel.
38. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36 zur Herstellung von Ketocarotinoid-haltigen Extrakten oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmittel.
- 25
 - 30
39. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 8 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 8 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4 nicht enthalten ist.
- 35
40. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abge-

leitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 aufweist.

- 5 41. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 12 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 12 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 6 nicht enthalten ist.
- 10 42. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 49 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 49 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 47 nicht enthalten ist.
- 15 43. Nukleinsäure, kodierend ein Protein gemäß einem der Ansprüche 39 bis 42, mit der Maßgabe, dass die Sequenz SEQ ID NO: 5 nicht enthalten ist.
- 20 44. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.
- 25 45. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.
- 30 46. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 47 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 47 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.
- 35

Abbildung 1

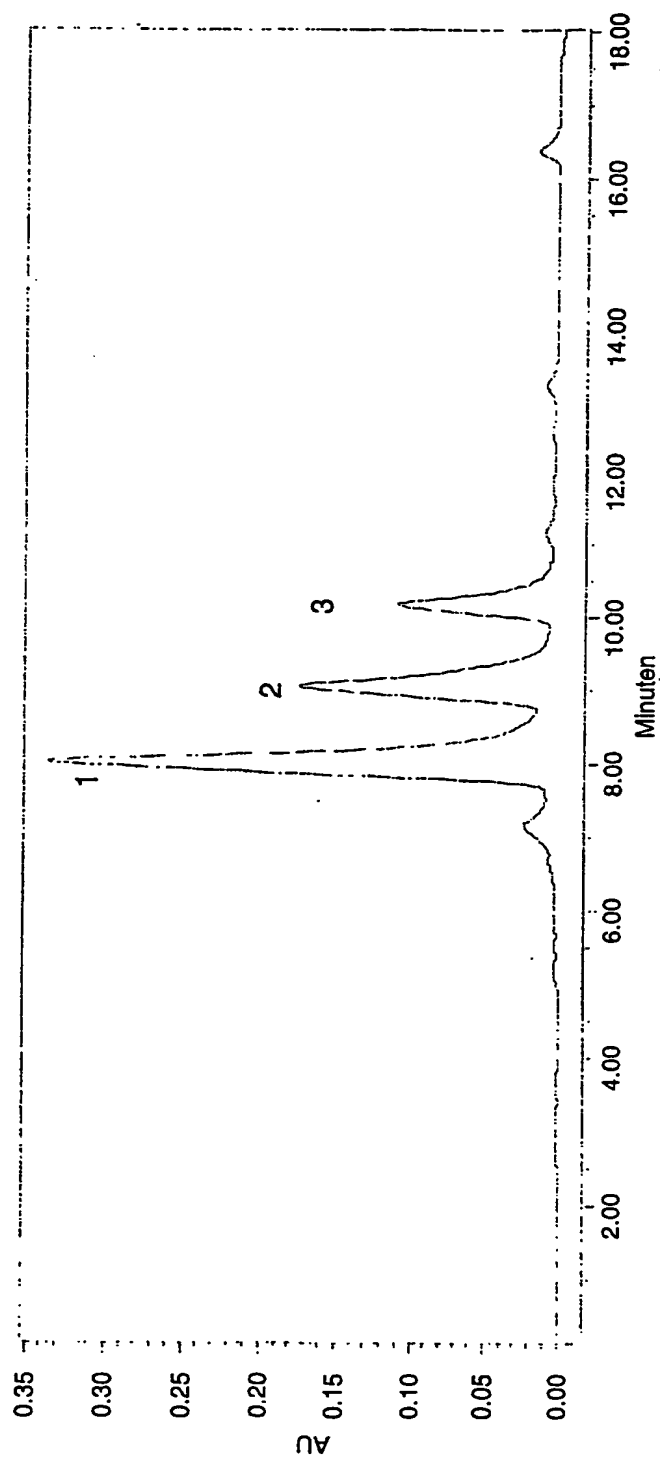


Abbildung 2

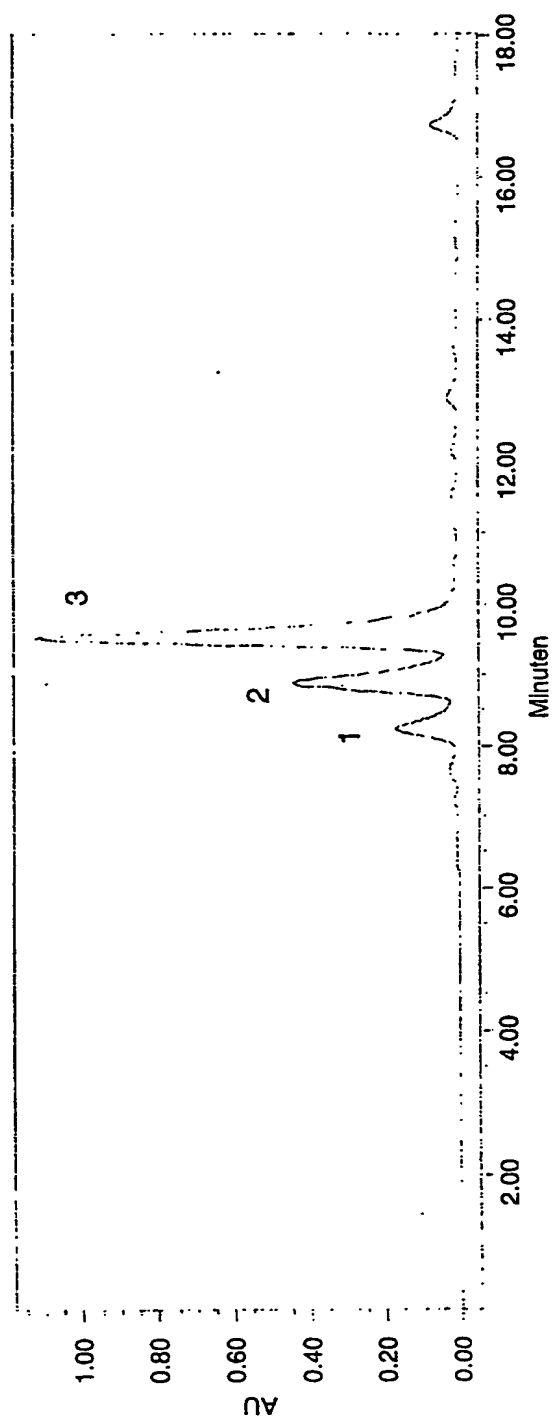


Abbildung 3

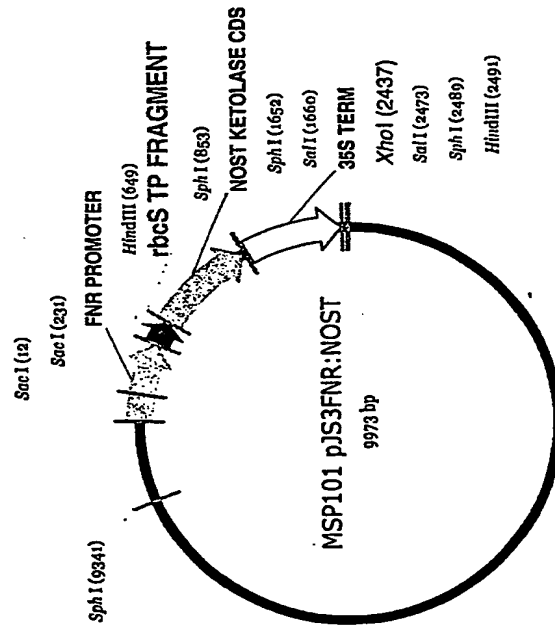
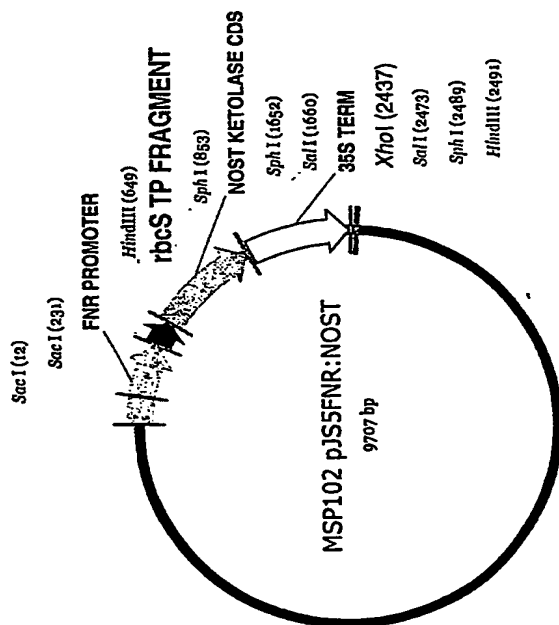


Abbildung 4



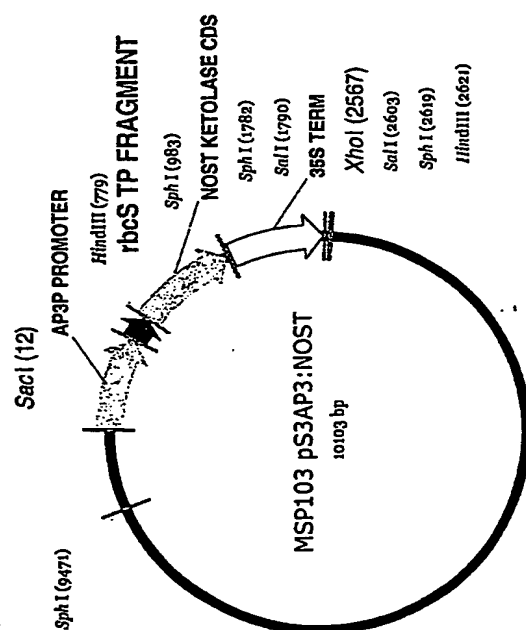


Abbildung 5

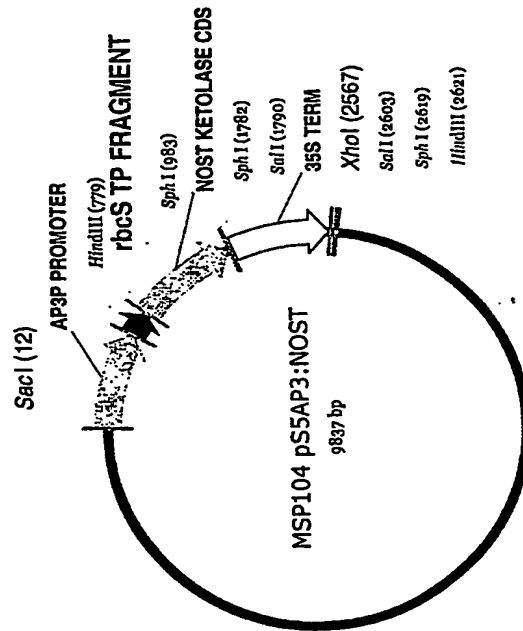


Abbildung 6

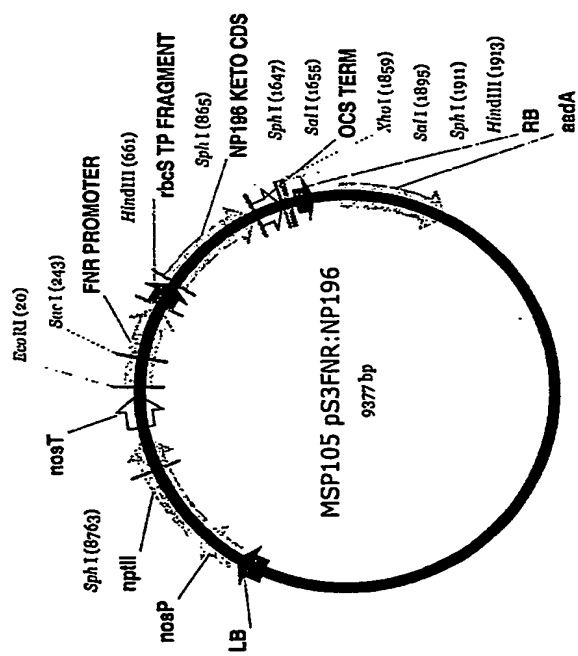
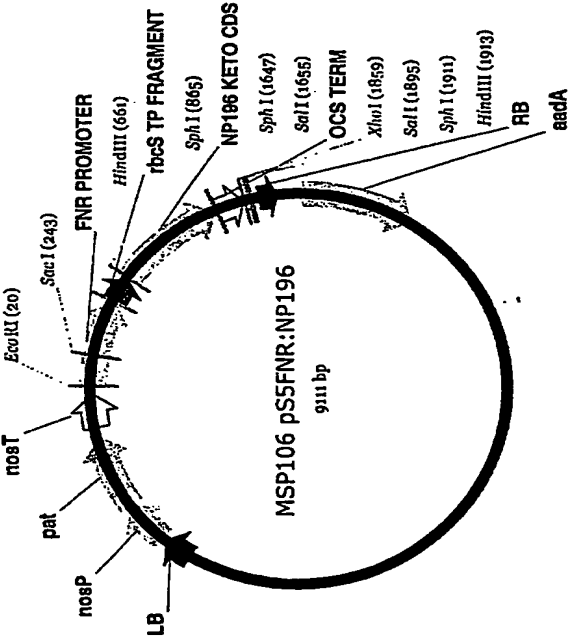


Abbildung 7

Abbildung 8



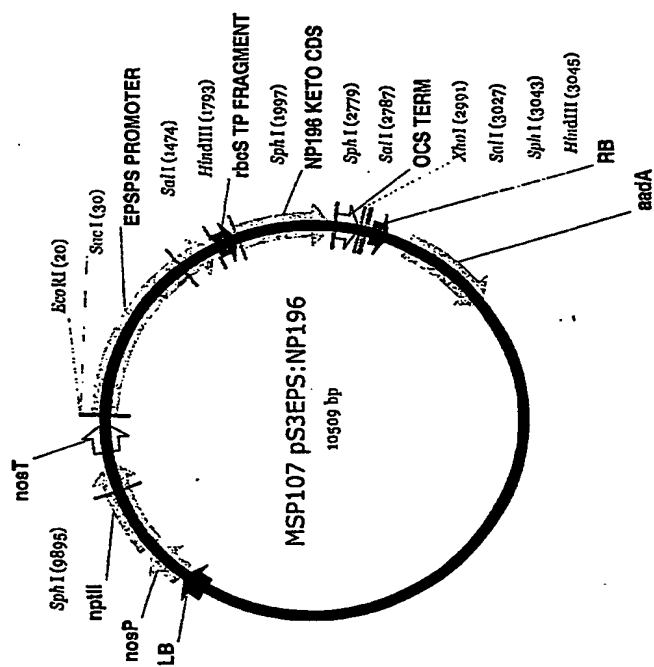


Abbildung 9

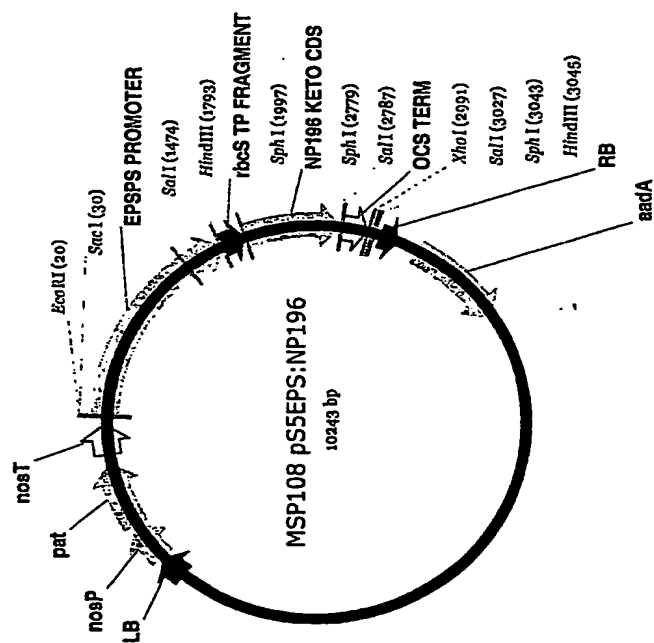


Abbildung 10

Abbildung 11

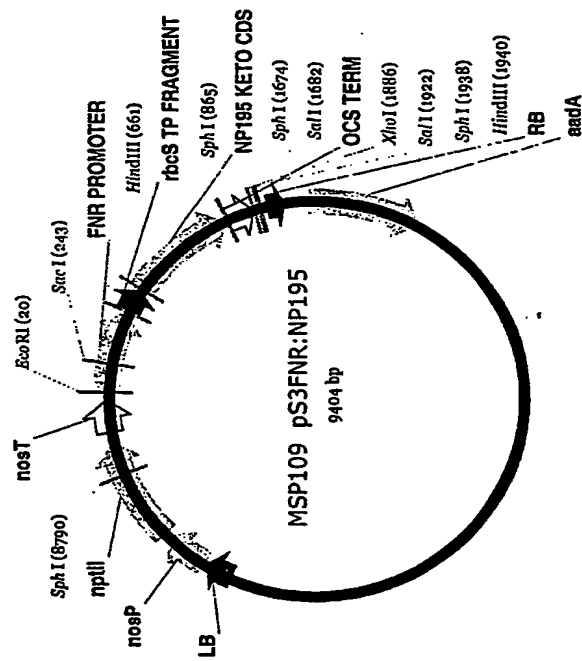
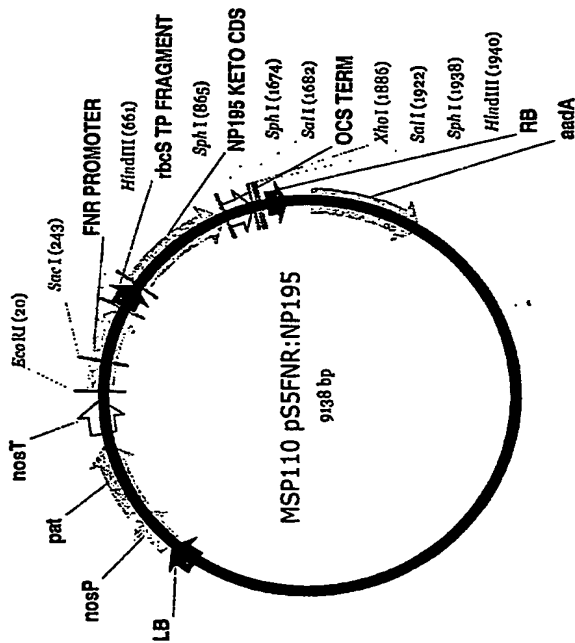


Abbildung 12



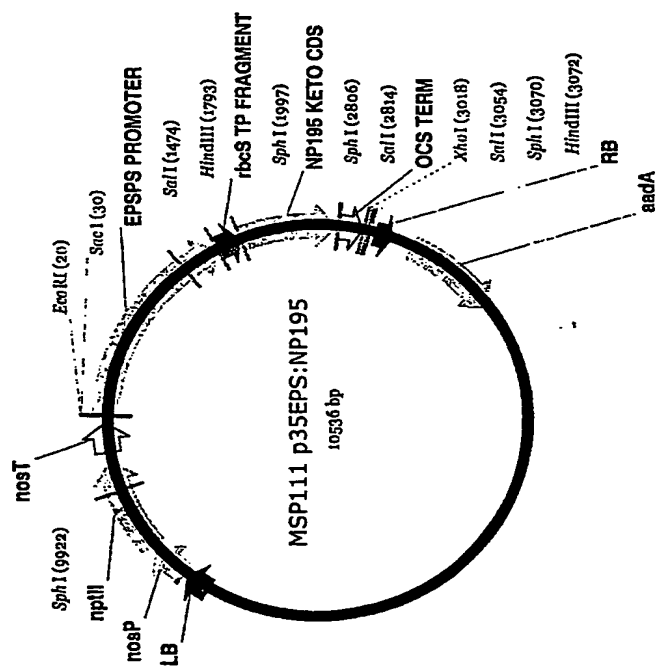


Abbildung 13

Abbildung 14

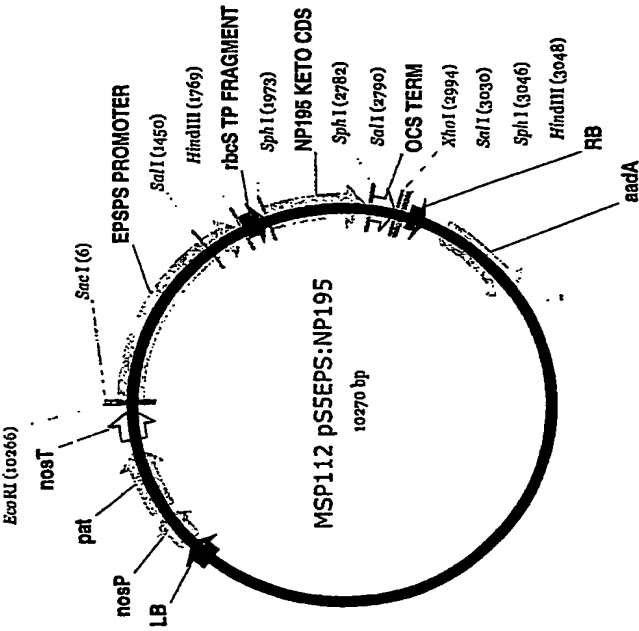
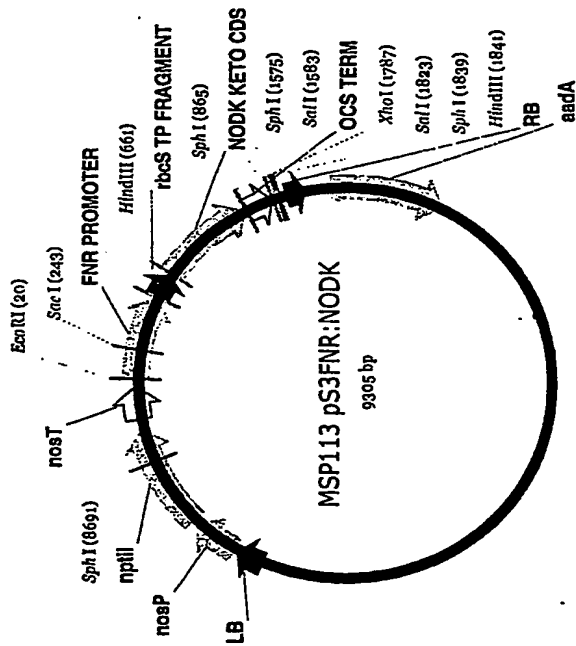


Abbildung 15



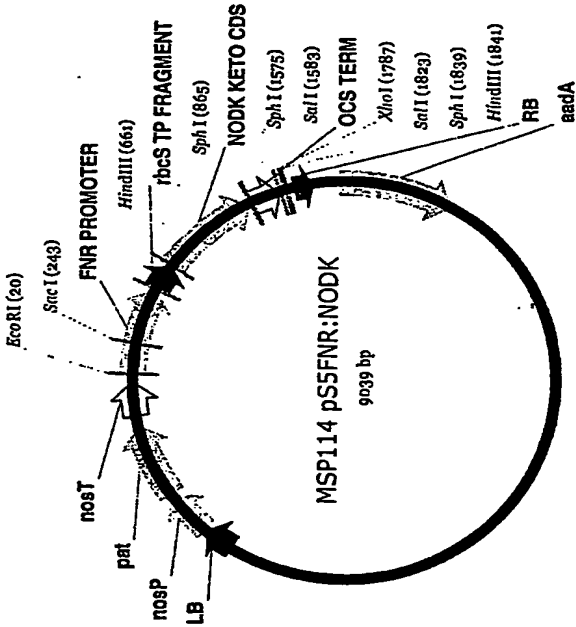


Abbildung 16

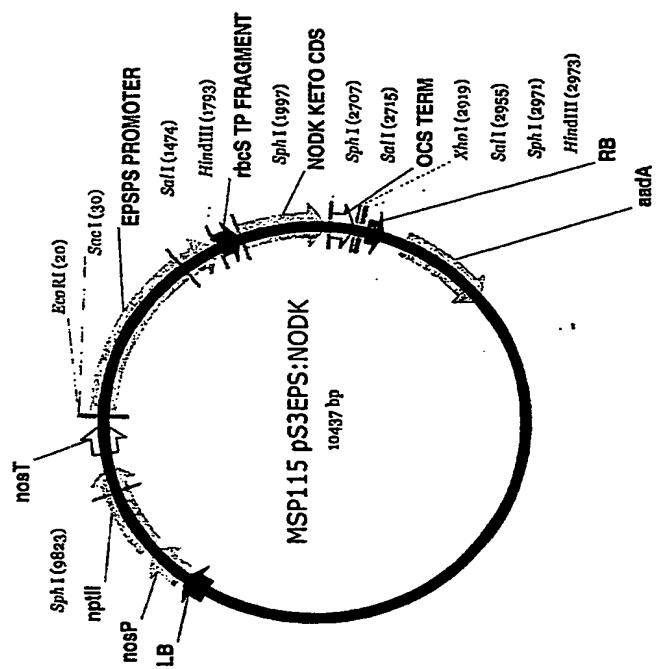


Abbildung 17

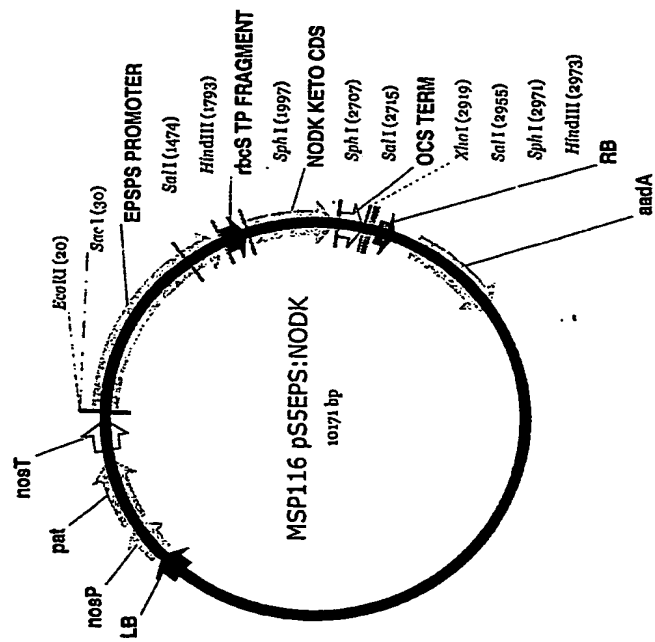


Abbildung 18

SEQUENCE LISTING

5 <110> SunGene GmbH & Co. KGaA

10 <120> Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden in genetisch veränderten Organismen

15 <130> 20020636

<160> 74

20 <170> PatentIn version 3.1

25 <210> 1

<211> 777

30 <212> DNA

<213> Nostoc sp. Strain PCC7120

35 <220>

<221> CDS

40 <222> (1)..(777)

<223>

45 <400> 1

atg gtt cag tgt caa cca tca tct ctg cat tca gaa aaa ctg gtg tta	48
Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu	
1 5 10 15	
50 ttg tca tcg aca atc aga gat gat aaa aat att aat aag ggt ata ttt	96
Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe	
20 25 30	
55 att gcc tgc ttt atc tta ttt tta tgg gca att agt tta atc tta tta	144
Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu	
35 40 45	
60 ctc tca ata gat aca tcc ata att cat aag agc tta tta ggt ata gcc	192
Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala	
50 55 60	
65 atg ctt tgg cag acc ttc tta tat aca ggt tta ttt att act gct cat	240
Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His	
65 70 75 80	
gat gcc atg cac ggc gta gtt tat ccc aaa aat ccc aga ata aat aat	288
Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn	
85 90 95	

70

	ttt ata ggt aag ctc act cta atc tfg tat gga cta ctc cct tat aaa	336
	Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys	
	100 105 110	
5	gat tta ttg aaa aaa cat tgg tta cac cac gga cat cct ggt act gat	384
	Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp	
	115 120 125	
10	tta gac cct gat tat tac aat ggt cat ccc caa aac ttc ttt ctt tgg	432
	Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp	
	130 135 140	
15	tat cta cat ttt atg aag tct tat tgg cga tgg acg caa att ttc gga	480
	Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly	
	145 150 155 160	
20	tta gtg atg att ttt cat gga ctt aaa aat ctg gtg cat ata cca gaa	528
	Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu	
	165 170 175	
	aat aat tta att ata ttt tgg atg ata cct tct att tta agt tca gta	576
	Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val	
	180 185 190	
25	caa cta ttt tat ttt ggt aca ttt ttg cct cat aaa aag cta gaa ggt	624
	Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly	
	195 200 205	
30	ggt tat act aac ccc cat tgt gcg cgc agt atc cca tta cct ctt ttt	672
	Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe	
	210 215 220	
35	tgg tct ttt gtt act tgt tat cac ttc ggc tac cac aag gaa cat cac	720
	Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His	
	225 230 235 240	
40	gaa tac cct caa ctt cct tgg tgg aaa tta cct gaa gct tac aaa ata	768
	Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile	
	245 250 255	
	tct tta taa	777
	Ser Leu	
45	<210> 2	
	<211> 258	
50	<212> PRT	
	<213> Nostoc sp. Strain PCC7120	
55	<400> 2	
60	Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu	
	1 5 10 15	
	Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe	
	20 25 30	
65	Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu	
	35 40 45	
70	Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala	

[illegible]

<222> (1)..(789)

<223>

5

<400> 3

10	1	ttg	aat	ttt	tgt	gat	aaa	cca	gtt	agc	tat	tat	gtt	gca	ata	gag	caa	48
		Leu	Asn	Phe	Cys	Asp	Lys	Pro	Val	Ser	Tyr	Tyr	Val	Ala	Ile	Glu	Gln	
		1			5					10					15			
		tta	agt	gct	aaa	gaa	gat	act	gtt	tgg	ggg	ctg	gtg	att	gtc	ata	gta	96
		Leu	Ser	Ala	Lys	Glu	Asp	Thr	Val	Trp	Gly	Leu	Val	Ile	Val	Ile	Val	
					20					25				30				
15		att	att	agt	ctt	tgg	gta	gct	agt	ttg	gct	ttt	tta	cta	gct	att	aat	144
		Ile	Ile	Ser	Leu	Trp	Val	Ala	Ser	Leu	Ala	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Asn	
				35				40						45				
20		tat	gcc	aaa	gtc	cca	att	tgg	ttg	ata	cct	att	gca	ata	gtt	tgg	caa	192
		Tyr	Ala	Lys	Val	Pro	Ile	Trp	Leu	Ile	Pro	Ile	Ala	Ile	Val	Trp	Gln	
			50					55					60					
25		atg	ttc	ctt	tat	aca	ggg	cta	ttt	att	act	gca	cat	gat	gct	atg	cat	240
		Met	Phe	Leu	Tyr	Thr	Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Ala	His	Asp	Ala	Met	His	
		65					70					75				80		
30		ggg	tca	gtt	tat	cgt	aaa	aat	ccc	aaa	att	aat	aat	ttt	atc	ggt	tca	288
		Gly	Ser	Val	Tyr	Arg	Lys	Asn	Pro	Lys	Ile	Asn	Asn	Phe	Ile	Gly	Ser	
					85					90					95			
35		cta	gct	gta	ggg	ctt	tac	gct	gtg	ttt	cca	tat	caa	cag	atg	tta	aag	336
		Leu	Ala	Val	Ala	Leu	Tyr	Ala	Val	Phe	Pro	Tyr	Gln	Gln	Met	Leu	Lys	
					100					105					110			
		aat	cat	tgc	tta	cat	cat	cgt	cat	cct	gct	agc	gaa	gtt	gac	cca	gat	384
		Asn	His	Cys	Leu	His	His	Arg	His	Pro	Ala	Ser	Glu	Val	Asp	Pro	Asp	
				115				120						125				
40		ttt	cat	gat	ggg	aag	aga	aca	aac	gct	att	ttc	tgg	tat	ctc	cat	ttc	432
		Phe	His	Asp	Gly	Lys	Arg	Thr	Asn	Ala	Ile	Phe	Trp	Tyr	Leu	His	Phe	
				130				135					140					
45		atg	ata	gaa	tac	tcc	agt	tgg	caa	cag	tta	ata	gta	cta	act	atc	cta	480
		Met	Ile	Glu	Tyr	Ser	Ser	Trp	Gln	Gln	Leu	Ile	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	
							150					155					160	
50		ttt	aat	tta	gct	aaa	tac	gtt	ttg	cac	atc	cat	caa	ata	aat	ctc	atc	528
		Phe	Asn	Leu	Ala	Lys	Tyr	Val	Leu	His	Ile	His	Gln	Ile	Asn	Leu	Ile	
						165					170					175		
		tta	ttt	tgg	agt	att	cct	cca	att	tta	agt	tcc	att	caa	ctg	ttt	tat	576
		Leu	Phe	Trp	Ser	Ile	Pro	Pro	Ile	Leu	Ser	Ser	Ile	Gln	Leu	Phe	Tyr	
					180					185					190			
55		ttc	gga	aca	ttt	ttg	cct	cat	cga	gaa	ccc	aag	aaa	gga	tat	gtt	tat	624
		Phe	Gly	Thr	Phe	Leu	Pro	His	Arg	Glu	Pro	Lys	Lys	Gly	Tyr	Val	Tyr	
				195					200					205				
60		ccc	cat	tgc	agc	caa	aca	ata	aaa	ttg	cca	act	ttt	ttg	tca	ttt	atc	672
		Pro	His	Cys	Ser	Gln	Thr	Ile	Lys	Leu	Pro	Thr	Phe	Leu	Ser	Phe	Ile	
				210				215					220					
65		gct	tgc	tac	cac	ttt	ggg	tat	cat	gaa	gaa	cat	cat	gag	tat	ccc	cat	720
		Ala	Cys	Tyr	His	Phe	Gly	Tyr	His	Glu	Glu	His	His	Glu	Tyr	Pro	His	
							230					235				240		
70		gta	cct	tgg	tgg	caa	ctt	cca	tct	gta	tat	aag	cag	aga	gta	ttc	aac	768
		Val	Pro	Trp	Trp	Gln	Leu	Pro	Ser	Val	Tyr	Lys	Gln	Arg	Val	Phe	Asn	
						245					250					255		

aat tca gta acc aat tcg taa
 Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

5

<210> 4

<211> 262

10 <212> PRT

<213> Nostoc punctiforme

15

<400> 4

20 Leu Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
 1 5 10 15

25 Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
 20 25 30

Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
 35 40 45

30 Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
 50 55 60

35 Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

40 Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95

45 Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 100 105 110

Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
 115 120 125

50 Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140

55 Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160

60 Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175

65 Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
 195 200 205

70

789

Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
 210 215 220
 5
 Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240
 10 Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255
 15 Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260
 <210> 5
 20 <211> 762
 <212> DNA
 <213> Nostoc punctiforme
 25
 <220>
 30 <221> CDS
 <222> (1) .. (762)
 <223>
 35
 <400> 5
 40 gtg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa gca aaa ctg act cca 48
 Val Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
 1 5 10 15
 gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt ttc att gct att gtc 96
 45 Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
 20 25 30
 att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta tta ctt tcc ctt gac 144
 Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp
 35 40 45
 50 atc tca aag cta aaa ttt tgg atg tta ttg cct gtt ata cta tgg caa 192
 Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
 50 55 60
 55 aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca tct cat gat gcc atg cat 240
 Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
 65 70 75 80
 60 ggc gta gta ttt ccc caa aac acc aag att aat cat ttg att gga aca 288
 Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95
 ttg acc cta tcc ctt tat ggt ctt tta cca tat caa aaa cta ttg aaa 336
 65 Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110
 aaa cat tgg tta cac cac cac aat cca gca agc tca ata gac ccg gat 384
 Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
 70 115 120 125

5	Leu Thr Leu Ser 100	Leu Tyr Gly Leu Leu 105	Pro Tyr Gln Lys 110	Leu Leu Lys	
	Lys His Trp 115	Leu His His His 120	Asn Pro Ala Ser Ser 125	Ile Asp Pro Asp	
10	Phe His Asn Gly 130	Lys His Gln Ser 135	Phe Phe Ala Trp 140	Tyr Phe His Phe	
15	Met Lys Gly Tyr 145	Trp Ser Trp Gly 150	Gln Ile Ile Ala 155	Leu Thr Ile Ile 160	
20	Tyr Asn Phe Ala 165	Lys Tyr Ile Leu 170	His Ile Pro Ser 175	Asn Leu Thr	
25	Tyr Phe Trp Val 180	Leu Pro Ser Leu 185	Leu Ser Ser Leu 190	Gln Leu Phe Tyr	
30	Phe Gly Thr 195	Phe Leu Pro His 200	Ser Glu Pro Ile 205	Gly Tyr Val Gln	
35	Pro His Cys Ala 210	Gln Thr Ile Ser 215	Arg Pro Ile Trp 220	Trp Ser Phe Ile	
40	Thr Cys Tyr His 225	Phe Gly Tyr His 230	Glu Glu His His 235	Glu Tyr Pro His 240	
45	Ile Ser Trp Trp 245	Gln Leu Pro Glu 250	Ile Tyr Lys Ala 255	Lys	
50	<210>	7			
55	<211>	789			
60	<212>	DNA			
	<213>	Künstliche Sequenz			
	<220>				
	<221>	CDS			
	<222>	(1)..(789)			
	<223>				
65	<400>	7			
	atg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat gtt gca ata gag caa				48
	Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln				
	1 5 10 15				
70	tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg gtg att gtc ata gta				96
	Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val				
	20 25 30				

5	att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt tta cta gct att aat Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn 35 40 45	144	
10	tat gcc aaa att cat aag tgg ttg ata cct att gca ata gtt tgg caa Tyr Ala Lys Ile His Lys Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln 50 55 60	192	
15	atg ttc ctt tat aca ggg cta ttt att act gca cat gat gct atg cat Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His 65 70 75 80	240	
20	ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat aat ttt atc ggt tca Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser 85 90 95	288	
25	cta gct gta gcg ctt tac gct gtg ttt cca tat caa cag atg tta aag Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys 100 105 110	336	
30	aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc gaa gtt gac cca gat Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp 115 120 125	384	
35	ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc tgg tat ctc cat ttc Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe 130 135 140	432	
40	atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata gta cta act atc cta Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu 145 150 155 160	480	
45	ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat caa ata aat ctc atc Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile 165 170 175	528	
50	tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc att caa ctg ttt tat Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr 180 185 190	576	-
55	ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag aaa gga tat gtt tat Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr 195 200 205	624	
60	ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act ttt ttg tca ttt atc Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile 210 215 220	672	
65	gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His 225 230 235 240	720	
70	gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn 245 250 255	768	
75	aat tca gta acc aat tcg taa Asn Ser Val Thr Asn Ser 260	789	
	<210> 8		
	<211> 262		
	<212> PRT		
	<213> Künstliche Sequenz		

10/73

<400> 8

5 Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
1 5 10 15

10 Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
20 25 30

15 Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
35 40 45

Tyr Ala Lys Ile His Lys Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
50 55 60

20 Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
65 70 75 80

25 Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
85 90 95

30 Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
100 105 110

35 Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
115 120 125

Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
130 135 140

40 Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
145 150 155 160

45 Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
165 170 175

50 Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
180 185 190

55 Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
195 200 205

60 Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
210 215 220

65 Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
225 230 235 240

70 Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
245 250 255

Asn Ser Val Thr Asn Ser
260

<210> 9
 5 <211> 789
 <212> DNA
 10 <213> Künstliche Sequenz
 <220>
 15 <221> CDS
 <222> (1)..(789)
 20 <223>
 <400> 9
 25 atg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat gtt gca ata gag caa 48
 Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
 1 5 10 15
 tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg gtg att gtc ata gta 96
 Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
 30 20 25 30
 att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt tta cta gct att aat 144
 Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
 35 35 40 45
 tat gcc aaa gtc cca att tgg ttg ata cct att gca ata gtt tgg caa 192
 Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
 50 55 60
 40 atg ttc ctt tat aca ggg cta ttt att act gca cat gat gct atg cat 240
 Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
 65 70 75 80
 45 ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat aat ttt atc ggt tca 288
 Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95
 cta gct gta gcg ctt tac gct gtg ttt cca tat caa cag atg tta aag 336
 Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 50 100 105 110
 aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc gat tta gac cca gat 384
 Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp
 55 115 120 125
 ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc tgg tat ctc cat ttc 432
 Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140
 60 atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata gta cta act atc cta 480
 Met Ile Glu Tyr Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160
 65 ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat caa ata aat ctc atc 528
 Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175
 tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc att caa ctg ttt tat 576
 Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 70 180 185 190

12/73

	ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag aaa gga tat gtt tat	624
	Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr	
	195 200 205	
5	ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act ttt ttg tca ttt atc	672
	Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile	
	210 215 220	
10	gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat	720
	Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His	
	225 230 235 240	
15	gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac	768
	Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn	
	245 250 255	
20	aat tca gta acc aat tcg taa	789
	Asn Ser Val Thr Asn Ser	
	260	
	<210> 10	
25	<211> 262	
	<212> PRT	
	<213> Künstliche Sequenz	
30		
	<400> 10	
35	Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln	
	1 5 10 15	
40	Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val	
	20 25 30	
45	Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn	
	35 40 45	
50	Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln	
	50 55 60	
55	Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His	
	65 70 75 80	
60	Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser	
	85 90 95	
65	Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys	
	100 105 110	
70	Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp	
	115 120 125	
75	Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe	
	130 135 140	

	Met	Ile	Glu	Tyr	Ser	Ser	Trp	Gln	Gln	Leu	Ile	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	
	145					150					155					160	
5	Phe	Asn	Leu	Ala	Lys	Tyr	Val	Leu	His	Ile	His	Gln	Ile	Asn	Leu	Ile	
					165					170					175		
10	Leu	Phe	Trp	Ser	Ile	Pro	Pro	Ile	Leu	Ser	Ser	Ile	Gln	Leu	Phe	Tyr	
				180					185					190			
15	Phe	Gly	Thr	Phe	Leu	Pro	His	Arg	Glu	Pro	Lys	Lys	Gly	Tyr	Val	Tyr	
			195					200					205				
20	Pro	His	Cys	Ser	Gln	Thr	Ile	Lys	Leu	Pro	Thr	Phe	Leu	Ser	Phe	Ile	
		210					215					220					
25	Ala	Cys	Tyr	His	Phe	Gly	Tyr	His	Glu	Glu	His	His	Glu	Tyr	Pro	His	
	225					230					235					240	
30	Val	Pro	Trp	Trp	Gln	Leu	Pro	Ser	Val	Tyr	Lys	Gln	Arg	Val	Phe	Asn	
					245					250					255		
35	Asn	Ser	Val	Thr	Asn	Ser											
				260													
40	<210>	11															
45	<211>	762															
	<212>	DNA															
	<213>	Künstliche Sequenz															
50	<220>																
	<221>	CDS															
	<222>	(1)..(762)															
	<223>																
55	<400>	11															
	atg	atc	cag	tta	gaa	caa	cca	ctc	agt	cat	caa	gca	aaa	ctg	act	cca	48
	Met	Ile	Gln	Leu	Glu	Gln	Pro	Leu	Ser	His	Gln	Ala	Lys	Leu	Thr	Pro	
	1				5					10				15			
60	gta	ctg	aga	agt	aaa	tct	cag	ttt	aag	ggg	ctt	ttc	att	gct	att	gtc	96
	Val	Leu	Arg	Ser	Lys	Ser	Gln	Phe	Lys	Gly	Leu	Phe	Ile	Ala	Ile	Val	
				20					25				30				
65	att	gtt	agc	gca	tgg	gtc	att	agc	ctg	agt	tta	tta	ctt	tcc	ctt	gac	144
	Ile	Val	Ser	Ala	Trp	Val	Ile	Ser	Leu	Ser	Leu	Leu	Leu	Ser	Leu	Asp	
			35				40						45				
70	atc	tca	aag	att	cat	aag	tgg	atg	tta	ttg	cct	gtt	ata	cta	tgg	caa	192
	Ile	Ser	Lys	Ile	His	Lys	Trp	Met	Leu	Leu	Pro	Val	Ile	Leu	Trp	Gln	
		50					55					60					
	aca	ttt	tta	tat	acg	gga	tta	ttt	att	aca	tct	cat	gat	gcc	atg	cat	240

14/73

	Thr	Phe	Leu	Tyr	Thr	Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Ser	His	Asp	Ala	Met	His	
	65					70					75					80	
5	ggc	gta	gta	ttt	ccc	caa	aac	acc	aag	att	aat	cat	ttg	att	gga	aca	288
	Gly	Val	Val	Phe	Pro	Gln	Asn	Thr	Lys	Ile	Asn	His	Leu	Ile	Gly	Thr	
				85					90						95		
10	ttg	acc	cta	tcc	ctt	tat	ggt	ctt	tta	cca	tat	caa	aaa	cta	ttg	aaa	336
	Leu	Thr	Leu	Ser	Leu	Tyr	Gly	Leu	Leu	Pro	Tyr	Gln	Lys	Leu	Leu	Lys	
				100				105						110			
15	aaa	cat	tgg	tta	cac	cac	cac	aat	cca	gca	agc	tca	ata	gac	ccg	gat	384
	Lys	His	Trp	Leu	His	His	His	Asn	Pro	Ala	Ser	Ser	Ile	Asp	Pro	Asp	
			115					120					125				
20	ttt	cac	aat	ggt	aaa	cac	caa	agt	ttc	ttt	gct	tgg	tat	ttt	cat	ttt	432
	Phe	His	Asn	Gly	Lys	His	Gln	Ser	Phe	Phe	Ala	Trp	Tyr	Phe	His	Phe	
			130					135				140					
25	atg	aaa	ggt	tac	tgg	agt	tgg	ggg	caa	ata	att	gcg	ttg	act	att	att	480
	Met	Lys	Gly	Tyr	Trp	Ser	Trp	Gly	Gln	Ile	Ile	Ala	Leu	Thr	Ile	Ile	
						150					155					160	
30	tat	aac	ttt	gct	aaa	tac	ata	ctc	cat	atc	cca	agt	gat	aat	cta	act	528
	Tyr	Asn	Phe	Ala	Lys	Tyr	Ile	Leu	His	Ile	Pro	Ser	Asp	Asn	Leu	Thr	
					165					170					175		
35	tac	ttt	tgg	gtg	cta	ccc	tcg	ctt	tta	agt	tca	tta	caa	tta	ttc	tat	576
	Tyr	Phe	Trp	Val	Leu	Pro	Ser	Leu	Leu	Ser	Ser	Leu	Gln	Leu	Phe	Tyr	
				180				185						190			
40	ttt	ggt	act	ttt	tta	ccc	cat	agt	gaa	cca	ata	ggg	ggt	tat	gtt	cag	624
	Phe	Gly	Thr	Phe	Leu	Pro	His	Ser	Glu	Pro	Ile	Gly	Gly	Tyr	Val	Gln	
			195					200					205				
45	cct	cat	tgt	gcc	caa	aca	att	agc	cgt	cct	att	tgg	tgg	tca	ttt	atc	672
	Pro	His	Cys	Ala	Gln	Thr	Ile	Ser	Arg	Pro	Ile	Trp	Trp	Ser	Phe	Ile	
			210				215					220					
50	acg	tgc	tat	cat	ttt	ggc	tac	cac	gag	gaa	cat	cac	gaa	tat	cct	cat	720
	Thr	Cys	Tyr	His	Phe	Gly	Tyr	His	Glu	Glu	His	His	Glu	Tyr	Pro	His	
						225					235					240	
55	att	tct	tgg	tgg	cag	tta	cca	gaa	att	tac	aaa	gca	aaa	tag			762
	Ile	Ser	Trp	Trp	Gln	Leu	Pro	Glu	Ile	Tyr	Lys	Ala	Lys				
					245					250							
60	<210>	12															
	<211>	253															
	<212>	PRT															
65	<213>	Künstliche Sequenz															
70	<400>	12															
	Met	Ile	Gln	Leu	Glu	Gln	Pro	Leu	Ser	His	Gln	Ala	Lys	Leu	Thr	Pro	
	1				5					10					15		
65	Val	Leu	Arg	Ser	Lys	Ser	Gln	Phe	Lys	Gly	Leu	Phe	Ile	Ala	Ile	Val	
				20					25					30			
70	Ile	Val	Ser	Ala	Trp	Val	Ile	Ser	Leu	Ser	Leu	Leu	Leu	Ser	Leu	Asp	
			35					40					45				

[illegible]

<223>

5	<400> 13 atg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa gca aaa ctg act cca Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro 1 5 10 15 48
10	gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt ttc att gct att gtc Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val 20 25 30 96
15	att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta tta ctt tcc ctt gac Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp 35 40 45 144
20	atc tca aag cta aaa ttt tgg atg tta ttg cct gtt ata cta tgg caa Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln 50 55 60 192
25	aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca tct cat gat gcc atg cat Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His 65 70 75 80 240
	ggc gta gta ttt ccc caa aac acc aag att aat cat ttg att gga aca Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr 85 90 95 288
30	ttg acc cta tcc ctt tat ggt ctt tta cca tat caa aaa cta ttg aaa Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys 100 105 110 336
35	aaa cat tgg tta cac cac cac aat cca gca agc gat tta gac ccg gat Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp 115 120 125 384
40	ttt cac aat ggt aaa cac caa agt ttc ttt gct tgg tat ttt cat ttt Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe 130 135 140 432
45	atg aaa ggt tac tgg agt tgg ggg caa ata att gcg ttg act att att Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile 145 150 155 160 480
	tat aac ttt gct aaa tac ata ctc cat atc cca agt gat aat cta act Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr 165 170 175 528
50	tac ttt tgg gtg cta ccc tcg ctt tta agt tca tta caa tta ttc tat Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr 180 185 190 576
55	ttt ggt act ttt tta ccc cat agt gaa cca ata ggg ggt tat gtt cag Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln 195 200 205 624
60	cct cat tgt gcc caa aca att agc cgt cct att tgg tgg tca ttt atc Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile 210 215 220 672
	acg tgc tat cat ttt ggc tac cac gag gaa cat cac gaa tat cct cat Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His 225 230 235 240 720
65	att tct tgg tgg cag tta cca gaa att tac aaa gca aaa tag Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys 245 250 762
70	

<210> 14
 <211> 253
 5 <212> PRT
 <213> Künstliche Sequenz
 10
 <400> 14
 Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
 1 5 10 15
 15 Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
 20 25 30
 20 Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp
 35 40 45
 25 Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
 50 55 60
 30 Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
 65 70 75 80
 35 Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95
 Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110
 40 Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp
 115 120 125
 45 Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
 130 135 140
 50 Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
 145 150 155 160
 55 Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
 165 170 175
 Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190
 60 Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
 195 200 205
 65 Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
 210 215 220
 70 Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
 245 250

5
 <210> 15
 <211> 1608
 10 <212> DNA
 <213> Haematococcus pluvialis

15
 <220>
 <221> CDS
 20 <222> (3)..(971)
 <223>

25
 <400> 15
 ct aca ttt cac aag ccc gtg agc ggt gca agc gct ctg ccc cac atc 47
 Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile 15
 30 1 5 10

ggc cca cct cct cat ctc cat cgg tca ttt gct gct acc acg atg ctg 95
 Gly Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu 30
 35 20 25

tcg aag ctg cag tca atc agc gtc aag gcc cgc cgc gtt gaa cta gcc 143
 Ser Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala 45
 35 35 40

cgc gac atc acg cgg ccc aaa gtc tgc ctg cat gct cag cgg tgc tcg 191
 Arg Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser 60
 40 50 55

tta gtt cgg ctg cga gtg gca gca cca cag aca gag gag gcg ctg gga 239
 Leu Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly 75
 45 65 70

acc gtg cag gct gcc ggc gcg ggc gat gag cac agc gcc gat gta gca 287
 Thr Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala 95
 50 80 85 90 95

ctc cag cag ctt gac cgg gct atc gca gag cgt cgt gcc cgg cgc aaa 335
 Leu Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys 110
 55 100 105 110

cgg gag cag ctg tca tac cag gct gcc gcc att gca gca tca att ggc 383
 Arg Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly 125
 55 115 120 125

gtg tca ggc att gcc atc ttc gcc acc tac ctg aga ttt gcc atg cac 431
 Val Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His 140
 60 130 135 140

atg acc gtg ggc ggc gca gtg cca tgg ggt gaa gtg gct ggc act ctc 479
 Met Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu 155
 65 145 150 155

ctc ttg gtg gtt ggt ggc gcg ctc ggc atg gag atg tat gcc cgc tat 527
 Leu Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr 175
 70 160 165 170 175

5	gca cac aaa gcc atc tgg cat gag tcg cct ctg ggc tgg ctg ctg cac	575
	Ala His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His	
	180 185 190	
10	aag agc cac cac aca cct cgc act gga ccc ttt gaa gcc aac gac ttg	623
	Lys Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu	
	195 200 205	
15	ttt gca atc atc aat gga ctg ccc gcc atg ctc ctg tgt acc ttt ggc	671
	Phe Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly	
	210 215 220	
20	ttc tgg ctg ccc aac gtc ctg ggg gcg gcc tgc ttt gga gcg ggg ctg	719
	Phe Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu	
	225 230 235	
25	ggc atc acg cta tac ggc atg gca tat atg ttt gta cac gat ggc ctg	767
	Gly Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu	
	240 245 250 255	
30	gtg cac agg cgc ttt ccc acc ggg ccc atc gct ggc ctg ccc tac atg	815
	Val His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met	
	260 265 270	
35	aag cgc ctg aca gtg gcc cac cag cta cac cac agc ggc aag tac ggt	863
	Lys Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly	
	275 280 285	
40	ggc gcg ccc tgg ggt atg ttc ttg ggt cca cag gag ctg cag cac att	911
	Gly Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile	
	290 295 300	
45	cca ggt gcg gcg gag gag gtg gag cga ctg gtc ctg gaa ctg gac tgg	959
	Pro Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp	
	305 310 315	
50	tcc aag cgg tag ggtgcggaac caggcacgct ggtttcacac ctcatgcctg	1011
	Ser Lys Arg	
	320	
55	tgataagggtg tggctagagc gatgcgtgtg agacgggtat gtcacgggtcg actgggtctga	1071
	tggccaatgg catcgcccat gtctgggtcat cacgggctgg ttgcctgggt gaagggtgatg	1131
	cacatcatca tgtgcggttg gaggggctgg cacagtgtgg gctgaactgg agcagttgtc	1191
	caggctggcg ttgaatcagt gaggggtttgt gattggcgggt tgtgaagcaa tgactccgcc	1251
60	catattctat ttgtgggagc tgagatgatg gcatgcttgg gatgtgcatg gatcatggta	1311
	gtgcagcaaa ctatattcac ctagggtgtg ttgtaggatc aggtgaggcc ttgcacattg	1371
	catgatgtac tcgtcatggt gtgttggtga gaggatggat gtggatggat gtgtattctc	1431
	agacgtagac cttgactgga ggcttgatcg agagagtggg ccgtattctt tgagagggga	1491
	ggctcgtgcc agaaatgggt agtggatgac tgtgacgctg tacattgcag gcagggtgaga	1551
	tgcaactgtct cgattgtaaa atacattcag atgcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa	1608
	<210> 16	
	<211> 322	
	<212> PRT	
	<213> Haematococcus pluvialis	

<400> 16

5 Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile Gly
1 5 10 15

10 Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu Ser
20 25 30

15 Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala Arg
35 40 45

20 Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser Leu
50 55 60

25 Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly Thr
65 70 75 80

30 Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala Leu
85 90 95

35 Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys Arg
100 105 110

40 Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly Val
115 120 125

45 Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His Met
130 135 140

50 Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu Leu
145 150 155 160

55 Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr Ala
165 170 175

60 His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His Lys
180 185 190

65 Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu Phe
195 200 205

70 Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly Phe
210 215 220

75 Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu Gly
225 230 235 240

80 Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu Val
245 250 255

85 His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met Lys
260 265 270

5 Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly Gly
 275 280 285
 10 Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile Pro
 290 295 300
 15 Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp Ser
 305 310 315 320
 20 <210> 17
 <211> 1650
 <212> DNA
 25 <213> Lycopersicon esculentum
 30 <220>
 <221> CDS
 <222> (112)..(1614)
 35 <223>
 40 <400> 17
 ggcacgagga aactttttctc tcttcactag ctgtttacat gcttgaaatt tcaagatttt 60
 aggaccccat ttgaagtttt cttgaaacaa atattaccct gttggaaaaa g atg gat 117
 Met Asp
 1
 45 act ttg ttg aaa acc cca aat aac ctt gaa ttt ctg aac cca cat cat 165
 Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro His His
 5 10 15
 50 ggt ttt gct gtt aaa gct agt acc ttt aga tct gag aag cat cat aat 213
 Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His His Asn
 20 25 30
 55 ttt ggt tct agg aag ttt tgt gaa act ttg ggt aga agt gtt tgt gtt 261
 Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val Cys Val
 35 40 45 50
 60 aag ggt agt agt agt gct ctt tta gag ctt gta cct gag acc aaa aag 309
 Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr Lys Lys
 55 60 65
 gag aat ctt gat ttt gag ctt cct atg tat gac cct tca aaa ggg gtt 357
 Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys Gly Val
 70 75 80
 65 gtt gtg gat ctt gct gtg gtt ggt ggt ggc cct gca gga ctt gct gtt 405
 Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu Ala Val
 85 90 95
 70 gca cag caa gtt tct gaa gca gga ctc tct gtt tgt tca att gat ccg 453

	Ala	Gln	Gln	Val	Ser	Glu	Ala	Gly	Leu	Ser	Val	Cys	Ser	Ile	Asp	Pro	
	100						105					110					
5	aat	cct	aaa	ttg	ata	tgg	cct	aat	aac	tat	ggg	gtt	tgg	gtg	gat	gaa	501
	Asn	Pro	Lys	Leu	Ile	Trp	Pro	Asn	Asn	Tyr	Gly	Val	Trp	Val	Asp	Glu	
	115					120					125					130	
10	ttt	gag	gct	atg	gac	ttg	tta	gat	tgt	cta	gat	gct	acc	tgg	tct	ggg	549
	Phe	Glu	Ala	Met	Asp	Leu	Leu	Asp	Cys	Leu	Asp	Ala	Thr	Trp	Ser	Gly	
					135					140					145		
15	gca	gca	gtg	tac	att	gat	gat	aat	acg	gct	aaa	gat	ctt	cat	aga	cct	597
	Ala	Ala	Val	Tyr	Ile	Asp	Asp	Asn	Thr	Ala	Lys	Asp	Leu	His	Arg	Pro	
					150				155					160			
20	tat	gga	agg	gtt	aac	cgg	aaa	cag	ctg	aaa	tcg	aaa	atg	atg	cag	aaa	645
	Tyr	Gly	Arg	Val	Asn	Arg	Lys	Gln	Leu	Lys	Ser	Lys	Met	Met	Gln	Lys	
			165					170					175				
25	tgt	ata	atg	aat	ggg	gtt	aaa	ttc	cac	caa	gcc	aaa	gtt	ata	aag	gtg	693
	Cys	Ile	Met	Asn	Gly	Val	Lys	Phe	His	Gln	Ala	Lys	Val	Ile	Lys	Val	
					180			185					190				
30	att	cat	gag	gaa	tcg	aaa	tcc	atg	ttg	ata	tgc	aat	gat	ggg	att	act	741
	Ile	His	Glu	Glu	Ser	Lys	Ser	Met	Leu	Ile	Cys	Asn	Asp	Gly	Ile	Thr	
						200					205				210		
35	att	cag	gca	acg	gtg	gtg	ctc	gat	gca	act	ggc	ttc	tct	aga	tct	ctt	789
	Ile	Gln	Ala	Thr	Val	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Phe	Ser	Arg	Ser	Leu	
					215					220					225		
40	gtt	cag	tat	gat	aag	cct	tat	aac	ccc	ggg	tat	caa	gtt	gct	tat	ggc	837
	Val	Gln	Tyr	Asp	Lys	Pro	Tyr	Asn	Pro	Gly	Tyr	Gln	Val	Ala	Tyr	Gly	
					230				235					240			
45	att	ttg	gct	gaa	gtg	gaa	gag	cac	ccc	ttt	gat	gta	aac	aag	atg	gtt	885
	Ile	Leu	Ala	Glu	Val	Glu	Glu	His	Pro	Phe	Asp	Val	Asn	Lys	Met	Val	
					245			250					255				
50	ttc	atg	gat	tgg	cga	gat	tct	cat	ttg	aag	aac	aat	act	gat	ctc	aag	933
	Phe	Met	Asp	Trp	Arg	Asp	Ser	His	Leu	Lys	Asn	Thr	Asp	Leu	Lys		
						260		265				270					
55	gag	aga	aat	agt	aga	ata	cca	act	ttt	ctt	tat	gca	atg	cca	ttt	tca	981
	Glu	Arg	Asn	Ser	Arg	Ile	Pro	Thr	Phe	Leu	Tyr	Ala	Met	Pro	Phe	Ser	
						280					285				290		
60	tcc	aac	agg	ata	ttt	ctt	gaa	gaa	aca	tca	ctc	gta	gct	cgt	cct	ggc	1029
	Ser	Asn	Arg	Ile	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Ser	Leu	Val	Ala	Arg	Pro	Gly	
					295					300					305		
65	ttg	cgt	ata	gat	gat	att	caa	gaa	cga	atg	gtg	gct	cgt	tta	aac	cat	1077
	Leu	Arg	Ile	Asp	Asp	Ile	Gln	Glu	Arg	Met	Val	Ala	Arg	Leu	Asn	His	
					310				315					320			
70	ttg	ggg	ata	aaa	gtg	aag	agc	att	gaa	gaa	gat	gaa	cat	tgt	cta	ata	1125
	Leu	Gly	Ile	Lys	Val	Lys	Ser	Ile	Glu	Glu	Asp	Glu	His	Cys	Leu	Ile	
					325			330					335				
75	cca	atg	ggg	ggg	cca	ctt	cca	gta	tta	cct	cag	aga	gtc	gtt	gga	atc	1173
	Pro	Met	Gly	Gly	Pro	Leu	Pro	Val	Leu	Pro	Gln	Arg	Val	Val	Gly	Ile	
					340		345					350					
80	ggg	ggg	aca	gct	ggc	atg	gtt	cat	cca	tcc	acc	ggg	tat	atg	gtg	gca	1221
	Gly	Gly	Thr	Ala	Gly	Met	Val	His	Pro	Ser	Thr	Gly	Tyr	Met	Val	Ala	
					360						365				370		
85	agg	aca	cta	gct	gcg	gct	cct	gtt	gtt	gcc	aat	gcc	ata	att	caa	tac	1269
	Arg	Thr	Leu	Ala	Ala	Ala	Pro	Val	Val	Ala	Asn	Ala	Ile	Ile	Gln	Tyr	
					375					380					385		

5	ctc ggt tct gaa aga agt cat tcg ggt aat gaa tta tcc aca gct gtt Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr Ala Val 390 395 400	1317
10	tgg aaa gat ttg tgg cct ata gag agg aga cgt caa aga gag ttc ttc Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu Phe Phe 405 410 415	1365
15	tgc ttc ggt atg gat att ctt ctg aag ctt gat tta cct gct aca aga Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala Thr Arg 420 425 430	1413
20	agg ttc ttt gat gca ttc ttt gac tta gaa cct cgt tat tgg cat ggc Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp His Gly 435 440 445 450	1461
25	ttc tta tcg tct cga ttg ttt cta cct gaa ctc ata gtt ttt ggg ctg Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe Gly Leu 455 460 465	1509
30	tct cta ttc tct cat gct tca aat act tct aga ttt gag ata atg aca Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile Met Thr 470 475 480	1557
35	aag gga act gtt cca tta gta aat atg atc aac aat ttg tta cag gat Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu Gln Asp 485 490 495	1605
40	aaa gaa tga atccgagtaa ttcggaatct tgtccaatct cgtgcc Lys Glu 500	1650
45	<210> 18 <211> 500 <212> PRT <213> Lycopersicon esculentum	
50	Met Asp Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro 1 5 10 15	
55	His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His 20 25 30	
60	His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val 35 40 45	
65	Cys Val Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr 50 55 60	
70	Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys 65 70 75 80	
	Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu 85 90 95	

Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile
100 105 110

5 Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val
115 120 125

10 Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp
130 135 140

15 Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His
145 150 155 160

Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met
165 170 175

20 Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile
180 185 190

25 Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly
195 200 205

30 Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg
210 215 220

35 Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala
225 230 235 240

Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys
245 250 255

40 Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp
260 265 270

45 Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro
275 280 285

50 Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg
290 295 300

55 Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu
305 310 315 320

Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys
325 330 335

60 Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val
340 345 350

65 Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met
355 360 365

70 Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile
370 375 380

5 Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr
385 390 395 400

Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu
405 410 415

10 Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala
420 425 430

15 Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp
435 440 445

20 His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe
450 455 460

25 Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile
465 470 475 480

Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu
485 490 495

30 Gln Asp Lys Glu
500

35 <210> 19
<211> 33
<212> DNA
40 <213> Künstliche Sequenz

45 <220>
<221> primer_bind
<222> (1)..(33)
50 <223>

55 <400> 19
gcacgtctcta gaccttataa agatattttg tga 33

60 <210> 20
<211> 33
<212> DNA
65 <213> Künstliche Sequenz

70 <220>

<221> primer_bind
 <222> (1)..(33)
 5 <223>

<400> 20
 10 gcatgcatct agaaatgggt cagtgtcaac cat 33

<210> 21
 15 <211> 805
 <212> DNA
 <213> Nostoc sp. Strain PCC7120
 20

<220>
 25 <221> variation
 <222> (1)..(805)
 <223>
 30

<400> 21
 35 gcatgcatct agaaatgggt cagtgtcaac catcatctct gcattcagaa aaactgggtgt 60
 tattgtcatc gacaatcaga gatgataaaa atattaataa gggatatattt attgcctgct 120
 ttatcttatt tttatgggca attagttaa tcttattact ctcaatagat acatccataa 180
 40 ttcataagag cttattaggt atagccatgc ttggcagac cttcttatat acagggttat 240
 ttattactgc tcatgatgcc atgcacggcg tagtttatcc caaaaatccc agaataaata 300
 attttatagg taagctcact ctaatcttgt atggactact cccttataaa gatttattga 360
 45 aaaaacattg gttacaccac ggacatcctg gtactgattt agaccctgat tattacaatg 420
 gtcaccccca aaacttcttt ctttgggtatc tacatcttat gaagtcttat tggcgatgga 480
 50 cgcaaatttt cggattagtg atgatttttc atggacttaa aaatctggtg catataccag 540
 aaaataattt aattatattt tggatgatac cttctatttt aagttcagta caactatttt 600
 attttggtag atttttgcct cataaaaagc tagaagggtg ttatactaac cccattgtg 660
 55 cgcgcagtat ccattacct ctttttgggt cttttgttac ttgttatcac ttcggctacc 720
 acaaggaaca tcacgaatac cctcaacttc cttgggtgaa attacctgaa gtcacaaaa 780
 60 tatctttata aggtctagag catgc 805

<210> 22
 65 <211> 24
 <212> DNA
 <213> Künstliche Sequenz
 70

<220>
5 <221> primer_bind
<222> (1)..(24)
<223>
10

<400> 22
15 aggtaccgca cggctctgccca atcc 24

<210> 23
<211> 26
20 <212> DNA
<213> Künstliche Sequenz
25

<220>
30 <221> primer_bind
<222> (1)..(26)
<223>
35

<400> 23
40 aagcttgacc tgattatcag cacggt 26

<210> 24
<211> 4624
45 <212> DNA
<213> Erwinia uredovora

50
<220>
<221> CDS
55 <222> (128)..(1267)
<223>

60
<220>
<221> CDS
65 <222> (1288)..(2766)
<223>

70

<220>
 <221> CDS
 5 <222> (2802) .. (3689)
 <223>
 10 <220>
 <221> iDNA
 15 <222> (3631) .. (4158)
 <223>
 20 <400> 24
 gtcgactttc agcagcgcat ggcgaaaatc cagacagccc ttcgtttggc aggggggcacc 60
 atggccgctg ccgatatcat tgagcagggt atgtgcaccg gtcagcctgt cttaagtggg 120
 25 agcgggct atg caa ccg cat tat gat ctg att ctc gtg ggg gct gga ctc 169
 Met Gln Pro His Tyr Asp Leu Ile Leu Val Gly Ala Gly Leu
 1 5 10
 30 gcg aat ggc ctt atc gcc ctg cgt ctt cag cag cag caa cct gat atg 217
 Ala Asn Gly Leu Ile Ala Leu Arg Leu Gln Gln Gln Gln Pro Asp Met
 15 20 25 30
 35 cgt att ttg ctt atc gac gcc gca ccc cag gcg ggc ggg aat cat acg 265
 Arg Ile Leu Leu Ile Asp Ala Ala Pro Gln Ala Gly Gly Asn His Thr
 35 40 45
 40 tgg tca ttt cac cac gat gat ttg act gag agc caa cat cgt tgg ata 313
 Trp Ser Phe His His Asp Asp Leu Thr Glu Ser Gln His Arg Trp Ile
 50 55 60
 gct ccg ctg gtg gtt cat cac tgg ccc gac tat cag gta cgc ttt ccc 361
 Ala Pro Leu Val Val His His Trp Pro Asp Tyr Gln Val Arg Phe Pro
 65 70 75
 45 aca cgc cgt cgt aag ctg aac agc ggc tac ttt tgt att act tct cag 409
 Thr Arg Arg Arg Lys Leu Asn Ser Gly Tyr Phe Cys Ile Thr Ser Gln
 80 85 90
 50 cgt ttc gct gag gtt tta cag cga cag ttt ggc ccg cac ttg tgg atg 457
 Arg Phe Ala Glu Val Leu Gln Arg Gln Phe Gly Pro His Leu Trp Met
 95 100 105 110
 55 gat acc gcg gtc gca gag gtt aat gcg gaa tct gtt cgg ttg aaa aag 505
 Asp Thr Ala Val Ala Glu Val Asn Ala Glu Ser Val Arg Leu Lys Lys
 115 120 125
 60 ggt cag gtt atc ggt gcc cgc gcg gtg att gac ggg ccg ggt tat gcg 553
 Gly Gln Val Ile Gly Ala Arg Ala Val Ile Asp Gly Arg Gly Tyr Ala
 130 135 140
 gca aat tca gca ctg agc gtg ggc ttc cag gcg ttt att ggc cag gaa 601
 Ala Asn Ser Ala Leu Ser Val Gly Phe Gln Ala Phe Ile Gly Gln Glu
 145 150 155
 65 tgg cga ttg agc cac ccg cat ggt tta tcg tct ccc att atc atg gat 649
 Trp Arg Leu Ser His Pro His Gly Leu Ser Ser Pro Ile Ile Met Asp
 160 165 170
 70 gcc acg gtc gat cag caa aat ggt tat cgc ttc gtg tac agc ctg ccg 697

	Ala	Thr	Val	Asp	Gln	Gln	Asn	Gly	Tyr	Arg	Phe	Val	Tyr	Ser	Leu	Pro	
	175					180					185					190	
5	ctc	tcg	ccg	acc	aga	ttg	tta	att	gaa	gac	acg	cac	tat	att	gat	aat	745
	Leu	Ser	Pro	Thr	Arg	Leu	Leu	Ile	Glu	Asp	Thr	His	Tyr	Ile	Asp	Asn	
					195					200					205		
10	gcg	aca	tta	gat	cct	gaa	tgc	gcg	cgg	caa	aat	att	tgc	gac	tat	gcc	793
	Ala	Thr	Leu	Asp	Pro	Glu	Cys	Ala	Arg	Gln	Asn	Ile	Cys	Asp	Tyr	Ala	
				210					215					220			
15	gcg	caa	cag	ggt	tgg	cag	ctt	cag	aca	ctg	ctg	cga	gaa	gaa	cag	ggc	841
	Ala	Gln	Gln	Gly	Trp	Gln	Leu	Gln	Thr	Leu	Leu	Arg	Glu	Glu	Gln	Gly	
			225					230					235				
20	gcc	tta	ccc	att	act	ctg	tcg	ggc	aat	gcc	gac	gca	ttc	tgg	cag	cag	889
	Ala	Leu	Pro	Ile	Thr	Leu	Ser	Gly	Asn	Ala	Asp	Ala	Phe	Trp	Gln	Gln	
		240					245					250					
25	cgc	ccc	ctg	gcc	tgt	agt	gga	tta	cgt	gcc	ggt	ctg	ttc	cat	cct	acc	937
	Arg	Pro	Leu	Ala	Cys	Ser	Gly	Leu	Arg	Ala	Gly	Leu	Phe	His	Pro	Thr	
		255				260					265				270		
30	acc	ggc	tat	tca	ctg	ccg	ctg	gcg	gtt	gcc	gtg	gcc	gac	cgc	ctg	agt	985
	Thr	Gly	Tyr	Ser	Leu	Pro	Leu	Ala	Val	Ala	Val	Ala	Asp	Arg	Leu	Ser	
					275					280					285		
35	gca	ctt	gat	gtc	ttt	acg	tcg	gcc	tca	att	cac	cat	gcc	att	acg	cat	1033
	Ala	Leu	Asp	Val	Phe	Thr	Ser	Ala	Ser	Ile	His	His	Ala	Ile	Thr	His	
				290					295					300			
40	ttt	gcc	cgc	gag	cgc	tgg	cag	cag	cag	ggc	ttt	ttc	cgc	atg	ctg	aat	1081
	Phe	Ala	Arg	Glu	Arg	Trp	Gln	Gln	Gln	Gly	Phe	Phe	Arg	Met	Leu	Asn	
			305					310					315				
45	cgc	atg	ctg	ttt	tta	gcc	gga	ccc	gcc	gat	tca	cgc	tgg	cgg	gtt	atg	1129
	Arg	Met	Leu	Phe	Leu	Ala	Gly	Pro	Ala	Asp	Ser	Arg	Trp	Arg	Val	Met	
		320					325					330					
50	cag	cgt	ttt	tat	ggt	tta	cct	gaa	gat	tta	att	gcc	cgt	ttt	tat	gcg	1177
	Gln	Arg	Phe	Tyr	Gly	Leu	Pro	Glu	Asp	Leu	Ile	Ala	Arg	Phe	Tyr	Ala	
		335				340					345				350		
55	gga	aaa	ctc	acg	ctg	acc	gat	cgg	cta	cgt	att	ctg	agc	ggc	aag	ccg	1225
	Gly	Lys	Leu	Thr	Leu	Thr	Asp	Arg	Leu	Arg	Ile	Leu	Ser	Gly	Lys	Pro	
					355					360					365		
60	cct	gtt	ccg	gta	tta	gca	gca	ttg	caa	gcc	att	atg	acg	act			1267
	Pro	Val	Pro	Val	Leu	Ala	Ala	Leu	Gln	Ala	Ile	Met	Thr	Thr			
			370						375				380				
65	catcgttaaa	gagcgcactac	atg	aaa	cca	act	acg	gta	att	ggt	gca	ggc	ttc				1320
			Met	Lys	Pro	Thr	Thr	Val	Ile	Gly	Ala	Gly	Phe				
							385					390					
70	ggt	ggc	ctg	gca	ctg	gca	att	cgt	cta	caa	gct	gcg	ggg	atc	ccc	gtc	1368
	Gly	Gly	Leu	Ala	Leu	Ala	Ile	Arg	Leu	Gln	Ala	Ala	Gly	Ile	Pro	Val	
				395				400					405				
75	tta	ctg	ctt	gaa	caa	cgt	gat	aaa	ccc	ggc	ggt	cgg	gct	tat	gtc	tac	1416
	Leu	Leu	Leu	Glu	Gln	Arg	Asp	Lys	Pro	Gly	Gly	Arg	Ala	Tyr	Val	Tyr	
			410					415					420				
80	gag	gat	cag	ggg	ttt	acc	ttt	gat	gca	ggc	ccg	acg	gtt	atc	acc	gat	1464
	Glu	Asp	Gln	Gly	Phe	Thr	Phe	Asp	Ala	Gly	Pro	Thr	Val	Ile	Thr	Asp	
		425					430					435					
85	ccc	agt	gcc	att	gaa	gaa	ctg	ttt	gca	ctg	gca	gga	aaa	cag	tta	aaa	1512
	Pro	Ser	Ala	Ile	Glu	Glu	Leu	Phe	Ala	Leu	Ala	Gly	Lys	Gln	Leu	Lys	
		440					445				450					455	

		gag	tat	gtc	gaa	ctg	ctg	ccg	gtt	acg	ccg	ttt	tac	cgc	ctg	tgt	tgg	1560
		Glu	Tyr	Val	Glu	Leu	Leu	Pro	Val	Thr	Pro	Phe	Tyr	Arg	Leu	Cys	Trp	
					460						465					470		
5		gag	tca	ggg	aag	gtc	ttt	aat	tac	gat	aac	gat	caa	acc	cgg	ctc	gaa	1608
		Glu	Ser	Gly	Lys	Val	Phe	Asn	Tyr	Asp	Asn	Asp	Gln	Thr	Arg	Leu	Glu	
					475					480					485			
10		gcg	cag	att	cag	cag	ttt	aat	ccc	cgc	gat	gtc	gaa	ggg	tat	cgt	cag	1656
		Ala	Gln	Ile	Gln	Gln	Phe	Asn	Pro	Arg	Asp	Val	Glu	Gly	Tyr	Arg	Gln	
				490					495					500				
15		ttt	ctg	gac	tat	tca	cgc	gcg	gtg	ttt	aaa	gaa	ggc	tat	cta	aag	ctc	1704
		Phe	Leu	Asp	Tyr	Ser	Arg	Ala	Val	Phe	Lys	Glu	Gly	Tyr	Leu	Lys	Leu	
			505					510					515					
20		ggg	act	gtc	cct	ttt	tta	tcg	ttc	aga	gac	atg	ctt	cgc	gcc	gca	cct	1752
		Gly	Thr	Val	Pro	Phe	Leu	Ser	Phe	Arg	Asp	Met	Leu	Arg	Ala	Ala	Pro	
		520					525					530				535		
25		caa	ctg	gcg	aaa	ctg	cag	gca	tgg	aga	agc	gtt	tac	agt	aag	gtt	gcc	1800
		Gln	Leu	Ala	Lys	Leu	Gln	Ala	Trp	Arg	Ser	Val	Tyr	Ser	Lys	Val	Ala	
					540						545					550		
		agt	tac	atc	gaa	gat	gaa	cat	ctg	cgc	cag	gcg	ttt	tct	ttc	cac	tcg	1848
		Ser	Tyr	Ile	Glu	Asp	Glu	His	Leu	Arg	Gln	Ala	Phe	Ser	Phe	His	Ser	
					555				560						565			
30		ctg	ttg	gtg	ggc	ggc	aat	ccc	ttc	gcc	acc	tca	tcc	att	tat	acg	ttg	1896
		Leu	Leu	Val	Gly	Gly	Asn	Pro	Phe	Ala	Thr	Ser	Ser	Ile	Tyr	Thr	Leu	
				570					575					580				
35		ata	cac	gcg	ctg	gag	cgt	gag	tgg	ggc	gtc	tgg	ttt	ccg	cgt	ggc	ggc	1944
		Ile	His	Ala	Leu	Glu	Arg	Glu	Trp	Gly	Val	Trp	Phe	Pro	Arg	Gly	Gly	
		585						590					595					
40		acc	ggc	gca	tta	gtt	cag	ggg	atg	ata	aag	ctg	ttt	cag	gat	ctg	ggg	1992
		Thr	Gly	Ala	Leu	Val	Gln	Gly	Met	Ile	Lys	Leu	Phe	Gln	Asp	Leu	Gly	
		600					605					610				615		
45		ggc	gaa	gtc	gtg	tta	aac	gcc	aga	gtc	agc	cat	atg	gaa	acg	aca	gga	2040
		Gly	Glu	Val	Val	Leu	Asn	Ala	Arg	Val	Ser	His	Met	Glu	Thr	Thr	Gly	
						620				625					630			
		aac	aag	att	gaa	gcc	gtg	cat	tta	gag	gac	ggg	cgc	agg	ttc	ctg	acg	2088
		Asn	Lys	Ile	Glu	Ala	Val	His	Leu	Glu	Asp	Gly	Arg	Arg	Phe	Leu	Thr	
					635				640						645			
50		caa	gcc	gtc	gcg	tca	aat	gca	gat	gtg	gtt	cat	acc	tat	cgc	gac	ctg	2136
		Gln	Ala	Val	Ala	Ser	Asn	Ala	Asp	Val	Val	His	Thr	Tyr	Arg	Asp	Leu	
				650					655					660				
55		tta	agc	cag	cac	cct	gcc	gcg	gtt	aag	cag	tcc	aac	aaa	ctg	cag	act	2184
		Leu	Ser	Gln	His	Pro	Ala	Ala	Val	Lys	Gln	Ser	Asn	Lys	Leu	Gln	Thr	
		665						670					675					
60		aag	cgc	atg	agt	aac	tct	ctg	ttt	gtg	ctc	tat	ttt	ggg	ttg	aat	cac	2232
		Lys	Arg	Met	Ser	Asn	Ser	Leu	Phe	Val	Leu	Tyr	Phe	Gly	Leu	Asn	His	
		680					685					690				695		
65		cat	cat	gat	cag	ctc	gcg	cat	cac	acg	gtt	tgt	ttc	ggc	ccg	cgt	tac	2280
		His	His	Asp	Gln	Leu	Ala	His	His	Thr	Val	Cys	Phe	Gly	Pro	Arg	Tyr	
						700				705					710			
		cgc	gag	ctg	att	gac	gaa	att	ttt	aat	cat	gat	ggc	ctc	gca	gag	gac	2328
		Arg	Glu	Leu	Ile	Asp	Glu	Ile	Phe	Asn	His	Asp	Gly	Leu	Ala	Glu	Asp	
					715				720						725			
70		ttc	tca	ctt	tat	ctg	cac	gcg	ccc	tgt	gtc	acg	gat	tcg	tca	ctg	gcg	2376

	Phe	Ser	Leu	Tyr	Leu	His	Ala	Pro	Cys	Val	Thr	Asp	Ser	Ser	Leu	Ala	
			730					735					740				
5	cct	gaa	ggt	tgc	ggc	agt	tac	tat	gtg	ttg	gcg	ccg	gtg	ccg	cat	tta	2424
	Pro	Glu	Gly	Cys	Gly	Ser	Tyr	Tyr	Val	Leu	Ala	Pro	Val	Pro	His	Leu	
		745					750					755					
10	ggc	acc	gcg	aac	ctc	gac	tgg	acg	ggt	gag	ggg	cca	aaa	cta	cgc	gac	2472
	Gly	Thr	Ala	Asn	Leu	Asp	Trp	Thr	Val	Glu	Gly	Pro	Lys	Leu	Arg	Asp	
	760					765				770					775		
15	cgt	att	ttt	gcg	tac	ctt	gag	cag	cat	tac	atg	cct	ggc	tta	cgg	agt	2520
	Arg	Ile	Phe	Ala	Tyr	Leu	Glu	Gln	His	Tyr	Met	Pro	Gly	Leu	Arg	Ser	
					780					785					790		
20	cag	ctg	gtc	acg	cac	cgg	atg	ttt	acg	ccg	ttt	gat	ttt	cgc	gac	cag	2568
	Gln	Leu	Val	Thr	His	Arg	Met	Phe	Thr	Pro	Phe	Asp	Phe	Arg	Asp	Gln	
					795				800					805			
25	ctt	aat	gcc	tat	cat	ggc	tca	gcc	ttt	tct	gtg	gag	ccc	gtt	ctt	acc	2616
	Leu	Asn	Ala	Tyr	His	Gly	Ser	Ala	Phe	Ser	Val	Glu	Pro	Val	Leu	Thr	
			810					815					820				
30	cag	agc	gcc	tgg	ttt	cgg	ccg	cat	aac	cgc	gat	aaa	acc	att	act	aat	2664
	Gln	Ser	Ala	Trp	Phe	Arg	Pro	His	Asn	Arg	Asp	Lys	Thr	Ile	Thr	Asn	
							830					835					
35	ctc	tac	ctg	gtc	ggc	gca	ggc	acg	cat	ccc	ggc	gca	ggc	att	cct	ggc	2712
	Leu	Tyr	Leu	Val	Gly	Ala	Gly	Thr	His	Pro	Gly	Ala	Gly	Ile	Pro	Gly	
	840					845				850						855	
40	gtc	atc	ggc	tgc	gca	aaa	gcg	aca	gca	ggg	ttg	atg	ctg	gag	gat	ctg	2760
	Val	Ile	Gly	Ser	Ala	Lys	Ala	Thr	Ala	Gly	Leu	Met	Leu	Glu	Asp	Leu	
					860					865					870		
45	att	tga	ataatccg	gtc	gttactcaat	catgcgg	gtcg	aaacg	atg	gca	gtt	ggc					2813
	Ile									Met	Ala	Val	Gly				
												875					
50	tcg	aaa	agt	ttt	gcg	aca	gcc	tca	aag	tta	ttt	gat	gca	aaa	acc	cg	2861
	Ser	Lys	Ser	Phe	Ala	Thr	Ala	Ser	Lys	Leu	Phe	Asp	Ala	Lys	Thr	Arg	
					880				885					890			
55	cgc	agc	gta	ctg	atg	ctc	tac	gcc	tgg	tgc	cgc	cat	tgt	gac	gat	gtt	2909
	Arg	Ser	Val	Leu	Met	Leu	Tyr	Ala	Trp	Cys	Arg	His	Cys	Asp	Asp	Val	
					895			900					905				
60	att	gac	gat	cag	acg	ctg	ggc	ttt	cag	gcc	cg	cag	cct	gcc	tta	caa	2957
	Ile	Asp	Asp	Gln	Thr	Leu	Gly	Phe	Gln	Ala	Arg	Gln	Pro	Ala	Leu	Gln	
		910					915					920					
65	acg	ccc	gaa	caa	cgt	ctg	atg	caa	ctt	gag	atg	aaa	acg	cgc	cag	gcc	3005
	Thr	Pro	Glu	Gln	Arg	Leu	Met	Gln	Leu	Glu	Met	Lys	Thr	Arg	Gln	Ala	
	925					930					935					940	
70	tat	gca	gga	tgc	cag	atg	cac	gaa	ccg	gcg	ttt	gcg	gct	ttt	cag	gaa	3053
	Tyr	Ala	Gly	Ser	Gln	Met	His	Glu	Pro	Ala	Phe	Ala	Ala	Phe	Gln	Glu	
					945				950						955		
75	gtg	gct	atg	gct	cat	gat	atc	gcc	ccg	gct	tac	gcg	ttt	gat	cat	ctg	3101
	Val	Ala	Met	Ala	His	Asp	Ile	Ala	Pro	Ala	Tyr	Ala	Phe	Asp	His	Leu	
					960				965					970			
80	gaa	ggc	ttc	gcc	atg	gat	gta	cgc	gaa	gcg	caa	tac	agc	caa	ctg	gat	3149
	Glu	Gly	Phe	Ala	Met	Asp	Val	Arg	Glu	Ala	Gln	Tyr	Ser	Gln	Leu	Asp	
			975					980					985				
85	gat	acg	ctg	cgc	tat	tgc	tat	cac	gtt	gca	ggc	gtt	gtc	ggc	ttg	atg	3197
	Asp	Thr	Leu	Arg	Tyr	Cys	Tyr	His	Val	Ala	Gly	Val	Val	Gly	Leu	Met	
		990					995					1000					

5	atg gcg caa atc atg ggc gtg cgg gat aac gcc acg ctg gac cgc 3242 Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr Leu Asp Arg 1005 1010 1015	
	gcc tgt gac ctt ggg ctg gca ttt cag ttg acc aat att gct cgc 3287 Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg 1020 1025 1030	
10	gat att gtg gac gat gcg cat gcg ggc cgc tgt tat ctg ccg gca 3332 Asp Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Ala 1035 1040 1045	
15	agc tgg ctg gag cat gaa ggt ctg aac aaa gag aat tat gcg gca 3377 Ser Trp Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala 1050 1055 1060	
20	cct gaa aac cgt cag gcg ctg agc cgt atc gcc cgt cgt ttg gtg 3422 Pro Glu Asn Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val 1065 1070 1075	
25	cag gaa gca gaa cct tac tat ttg tct gcc aca gcc ggc ctg gca 3467 Gln Glu Ala Glu Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala 1080 1085 1090	
	ggg ttg ccc ctg cgt tcc gcc tgg gca atc gct acg gcg aag cag 3512 Gly Leu Pro Leu Arg Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln 1095 1100 1105	
30	gtt tac cgg aaa ata ggt gtc aaa gtt gaa cag gcc ggt cag caa 3557 Val Tyr Arg Lys Ile Gly Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln 1110 1115 1120	
35	gcc tgg gat cag cgg cag tca acg acc acg ccc gaa aaa tta acg 3602 Ala Trp Asp Gln Arg Gln Ser Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr 1125 1130 1135	
40	ctg ctg ctg gcc gcc tct ggt cag gcc ctt act tcc cgg atg cgg 3647 Leu Leu Leu Ala Ala Ser Gly Gln Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg 1140 1145 1150	
45	gct cat cct ccc cgc cct gcg cat ctc tgg cag cgc ccg ctc 3689 Ala His Pro Pro Arg Pro Ala His Leu Trp Gln Arg Pro Leu 1155 1160 1165	
50	tagcgccatg tctttcccg agcgtcgct gaagttttga caggggaggc gcatagagga 3749	
	agccaaaaga aacacaacct tctttgcccc tgacggcgtg atgcatacgg tgcgccatat 3809	
	acaaccgttt gaggtagccc ttgcgtggaa tatagcggaa tggccaacgt tgatgcacca 3869	
55	gcccgctcgtg caccataaaa tagagtaatc catacgccgt catacctgcg ccaatccact 3929	
	ggagcgggcca cattcctgta ctgccagat aaatcagcag gatcgataat gcagcaaaaa 3989	
	ccacggcata aagatcgta acttcaaacg cacctttacg cggttcatga tgtgaaagat 4049	
60	gccatcccca acccagccg tgcgatgtgt atttgtgtgc cagtgcagca atcacttcca 4109	
	tgccaatcac ggtaacgaaa acgatcaggg cattccaaat ccacaacata atttctccgg 4169	
	tagagacgtc tggcagcagg cttaaggat caattttaac agagattagc cgatctggcg 4229	
65	gcgggaaggg aaaaaggcgc gccagaaagg cgcgccaggg atcagaagtc ggctttcaga 4289	
	accacacggt agttggcttt acctgcacga acatgggtcca gtgcatcggt gattttcgac 4349	
	atcggggaagt actccactgt cggcgcaata tctgtacggc cagccagctt cagcagtga 4409	
70	cgcagctcgc caggtgaacc ggttgaagaa cccgtcacgg cgcgggtcgcc taaaatcagg 4469	

ctgaaagccg ggcacgtcaa acggtttcag tacggcaccc acggtatgga acttaccgcg 4529
 5 aggcgccagg gccgcaaagt aggggttgcca gtcgagatcg acggcgaccg tgctgataat 4589
 cagggtcaaac tggcccgcca ggcttttttaa agctt 4624

<210> 25
 10 <211> 380
 <212> PRT
 15 <213> Erwinia uredovora

<400> 25
 20 Met Gln Pro His Tyr Asp Leu Ile Leu Val Gly Ala Gly Leu Ala Asn
 1 5 10 15

25 Gly Leu Ile Ala Leu Arg Leu Gln Gln Gln Gln Pro Asp Met Arg Ile
 20 25 30

30 Leu Leu Ile Asp Ala Ala Pro Gln Ala Gly Gly Asn His Thr Trp Ser
 35 40 45

35 Phe His His Asp Asp Leu Thr Glu Ser Gln His Arg Trp Ile Ala Pro
 50 55 60

40 Leu Val Val His His Trp Pro Asp Tyr Gln Val Arg Phe Pro Thr Arg
 65 70 75 80

45 Arg Arg Lys Leu Asn Ser Gly Tyr Phe Cys Ile Thr Ser Gln Arg Phe
 85 90 95

50 Ala Glu Val Leu Gln Arg Gln Phe Gly Pro His Leu Trp Met Asp Thr
 100 105 110

55 Ala Val Ala Glu Val Asn Ala Glu Ser Val Arg Leu Lys Lys Gly Gln
 115 120 125

60 Val Ile Gly Ala Arg Ala Val Ile Asp Gly Arg Gly Tyr Ala Ala Asn
 130 135 140

65 Ser Ala Leu Ser Val Gly Phe Gln Ala Phe Ile Gly Gln Glu Trp Arg
 145 150 155 160

70 Leu Ser His Pro His Gly Leu Ser Ser Pro Ile Ile Met Asp Ala Thr
 165 170 175

75 Val Asp Gln Gln Asn Gly Tyr Arg Phe Val Tyr Ser Leu Pro Leu Ser
 180 185 190

80 Pro Thr Arg Leu Leu Ile Glu Asp Thr His Tyr Ile Asp Asn Ala Thr
 195 200 205

5	Leu 210	Asp	Pro	Glu	Cys	Ala	Arg 215	Gln	Asn	Ile	Cys	Asp 220	Tyr	Ala	Ala	Gln
10	Gln 225	Gly	Trp	Gln	Leu	Gln 230	Thr	Leu	Leu	Arg	Glu 235	Glu	Gln	Gly	Ala	Leu 240
15	Pro	Ile	Thr	Leu	Ser 245	Gly	Asn	Ala	Asp	Ala 250	Phe	Trp	Gln	Gln	Arg 255	Pro
20	Leu	Ala	Cys	Ser 260	Gly	Leu	Arg	Ala	Gly 265	Leu	Phe	His	Pro	Thr 270	Thr	Gly
25	Tyr	Ser	Leu 275	Pro	Leu	Ala	Val	Ala 280	Val	Ala	Asp	Arg	Leu 285	Ser	Ala	Leu
30	Asp	Val 290	Phe	Thr	Ser	Ala	Ser 295	Ile	His	His	Ala	Ile 300	Thr	His	Phe	Ala
35	Arg 305	Glu	Arg	Trp	Gln	Gln 310	Gln	Gly	Phe	Phe	Arg 315	Met	Leu	Asn	Arg	Met 320
40	Leu	Phe	Leu	Ala	Gly 325	Pro	Ala	Asp	Ser	Arg 330	Trp	Arg	Val	Met	Gln 335	Arg
45	Phe	Tyr	Gly 340	Leu	Pro	Glu	Asp	Leu	Ile 345	Ala	Arg	Phe	Tyr	Ala 350	Gly	Lys
50	Leu	Thr	Leu 355	Thr	Asp	Arg	Leu	Arg 360	Ile	Leu	Ser	Gly	Lys 365	Pro	Pro	Val
55	Pro	Val 370	Leu	Ala	Ala	Leu	Gln 375	Ala	Ile	Met	Thr	Thr 380				
60	<210>	26														
65	<211>	492														
70	<212>	PRT														
75	<213>	Erwinia uredovora														
80	<400>	26														
85	Met 1	Lys	Pro	Thr	Thr 5	Val	Ile	Gly	Ala	Gly 10	Phe	Gly	Gly	Leu	Ala 15	Leu
90	Ala	Ile	Arg	Leu 20	Gln	Ala	Ala	Gly	Ile 25	Pro	Val	Leu	Leu	Leu 30	Glu	Gln
95	Arg	Asp	Lys 35	Pro	Gly	Gly	Arg	Ala 40	Tyr	Val	Tyr	Glu	Asp 45	Gln	Gly	Phe

Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp Pro Ser Ala Ile Glu
 50 55 60
 5
 Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys Glu Tyr Val Glu Leu
 65 70 75 80
 10
 Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp Glu Ser Gly Lys Val
 85 90 95
 15
 Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu Ala Gln Ile Gln Gln
 100 105 110
 20
 Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln Phe Leu Asp Tyr Ser
 115 120 125
 Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe
 130 135 140
 25
 Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro Gln Leu Ala Lys Leu
 145 150 155 160
 30
 Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala Ser Tyr Ile Glu Asp
 165 170 175
 35
 Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser Leu Leu Val Gly Gly
 180 185 190
 40
 Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu Ile His Ala Leu Glu
 195 200 205
 Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly Thr Gly Ala Leu Val
 210 215 220
 45
 Gln Gly Met Ile Lys Leu Phe Gln Asp Leu Gly Gly Glu Val Val Leu
 225 230 235 240
 50
 Asn Ala Arg Val Ser His Met Glu Thr Thr Gly Asn Lys Ile Glu Ala
 245 250 255
 55
 Val His Leu Glu Asp Gly Arg Arg Phe Leu Thr Gln Ala Val Ala Ser
 260 265 270
 60
 Asn Ala Asp Val Val His Thr Tyr Arg Asp Leu Leu Ser Gln His Pro
 275 280 285
 Ala Ala Val Lys Gln Ser Asn Lys Leu Gln Thr Lys Arg Met Ser Asn
 290 295 300
 65
 Ser Leu Phe Val Leu Tyr Phe Gly Leu Asn His His His Asp Gln Leu
 305 310 315 320
 70
 Ala His His Thr Val Cys Phe Gly Pro Arg Tyr Arg Glu Leu Ile Asp

36/73

	325	330	335
5	Glu Ile Phe Asn His Asp Gly Leu Ala Glu Asp Phe Ser Leu Tyr Leu 340 345 350		
10	His Ala Pro Cys Val Thr Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly Cys Gly 355 360 365		
15	Ser Tyr Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro His Leu Gly Thr Ala Asn Leu 370 375 380		
20	Asp Trp Thr Val Glu Gly Pro Lys Leu Arg Asp Arg Ile Phe Ala Tyr 385 390 395 400		
25	Leu Glu Gln His Tyr Met Pro Gly Leu Arg Ser Gln Leu Val Thr His 405 410 415		
30	Arg Met Phe Thr Pro Phe Asp Phe Arg Asp Gln Leu Asn Ala Tyr His 420 425 430		
35	Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Val Leu Thr Gln Ser Ala Trp Phe 435 440 445		
40	Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn Leu Tyr Leu Val Gly 450 455 460		
45	Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly Val Ile Gly Ser Ala 465 470 475 480		
50	Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu Ile 485 490		
55	<210> 27		
60	<211> 296		
65	<212> PRT		
70	<213> Erwinia uredovora		
	<400> 27		
	Met Ala Val Gly Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp 1 5 10 15		
	Ala Lys Thr Arg Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His 20 25 30		
	Cys Asp Asp Val Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln 35 40 45		
	Pro Ala Leu Gln Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys 50 55 60		

Thr Arg Gln Ala Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala
 65 70 75 80
 5 Ala Phe Gln Glu Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala
 85 90 95
 10 Phe Asp His Leu Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr
 100 105 110
 15 Ser Gln Leu Asp Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val
 115 120 125
 20 Val Gly Leu Met Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr
 130 135 140
 Leu Asp Arg Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile
 145 150 155 160
 25 Ala Arg Asp Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro
 165 170 175
 30 Ala Ser Trp Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala
 180 185 190
 35 Pro Glu Asn Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val Gln
 195 200 205
 40 Glu Ala Glu Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala Gly Leu
 210 215 220
 Pro Leu Arg Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln Val Tyr Arg
 225 230 235 240
 45 Lys Ile Gly Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln Ala Trp Asp Gln
 245 250 255
 50 Arg Gln Ser Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Leu Ala Ala
 260 265 270
 55 Ser Gly Gln Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg Ala His Pro Pro Arg Pro
 275 280 285
 60 Ala His Leu Trp Gln Arg Pro Leu
 290 295
 <210> 28
 <211> 32
 65 <212> DNA
 <213> Künstliche Sequenz

<220>
 5 <221> primer_bind
 <222> (1)..(32)
 <223>
 10
 <400> 28
 15 tttttctcga gcgataaacg ctctacttggt ta 32
 <210> 29
 <211> 32
 20 <212> DNA
 <213> Künstliche Sequenz
 25
 <220>
 <221> primer_bind
 30 <222> (1)..(32)
 <223>
 35
 <400> 29
 tttttgtcga cacgttatgc tcacaacccc gg 32 -
 40
 <210> 30
 <211> 679
 45 <212> DNA
 <213> Escherichia coli
 50
 <220>
 <221> CDS
 55 <222> (87)..(635)
 <223>
 60
 <400> 30
 ctcgagcgat aaacgctcac ttgggtaatc atttcaactct tcaattatct ataatgatga 60
 gtgatcagaa ttacatgtga gaaatt atg caa acg gaa cac gtc att tta ttg 113
 65 Met Gln Thr Glu His Val Ile Leu Leu
 1 5
 aat gca cag gga gtt ccc acg ggt acg ctg gaa aag tat gcc gca cac 161
 70 Asn Ala Gln Gly Val Pro Thr Gly Thr Leu Glu Lys Tyr Ala Ala His
 10 15 20 25

	acg gca gac acc cgc tta cat ctc gcg ttc tcc agt tgg ctg ttt aat	209
	Thr Ala Asp Thr Arg Leu His Leu Ala Phe Ser Ser Trp Leu Phe Asn	
	30 35 40	
5	gcc aaa gga caa tta tta gtt acc cgc cgc gca ctg agc aaa aaa gca	257
	Ala Lys Gly Gln Leu Leu Val Thr Arg Arg Ala Leu Ser Lys Lys Ala	
	45 50 55	
10	tgg cct ggc gtg tgg act aac tcg gtt tgt ggg cac cca caa ctg gga	305
	Trp Pro Gly Val Trp Thr Asn Ser Val Cys Gly His Pro Gln Leu Gly	
	60 65 70	
15	gaa agc aac gaa gac gca gtg atc cgc cgt tgc cgt tat gag ctt ggc	353
	Glu Ser Asn Glu Asp Ala Val Ile Arg Arg Cys Arg Tyr Glu Leu Gly	
	75 80 85	
20	gtg gaa att acg cct cct gaa tct atc tat cct gac ttt cgc tac cgc	401
	Val Glu Ile Thr Pro Pro Glu Ser Ile Tyr Pro Asp Phe Arg Tyr Arg	
	90 95 100 105	
25	gcc acc gat ccg agt ggc att gtg gaa aat gaa gtg tgt ccg gta ttt	449
	Ala Thr Asp Pro Ser Gly Ile Val Glu Asn Glu Val Cys Pro Val Phe	
	110 115 120	
30	gcc gca cgc acc act agt gcg tta cag atc aat gat gat gaa gtg atg	497
	Ala Ala Arg Thr Thr Ser Ala Leu Gln Ile Asn Asp Asp Glu Val Met	
	125 130 135	
35	gat tat caa tgg tgt gat tta gca gat gta tta cac ggt att gat gcc	545
	Asp Tyr Gln Trp Cys Asp Leu Ala Asp Val Leu His Gly Ile Asp Ala	
	140 145 150	
40	acg ccg tgg gcg ttc agt ccg tgg atg gtg atg cag gcg aca aat cgc	593
	Thr Pro Trp Ala Phe Ser Pro Trp Met Val Met Gln Ala Thr Asn Arg	
	155 160 165	
45	gaa gcc aga aaa cga tta tct gca ttt acc cag ctt aaa taa	635
	Glu Ala Arg Lys Arg Leu Ser Ala Phe Thr Gln Leu Lys	
	170 175 180	
50	aaaaaccccg acatttgccg gggtgtgag cataacgtgt cgac	679
	<210> 31	
	<211> 182	
	<212> PRT	
	<213> Escherichia coli	
55	<400> 31	
60	Met Gln Thr Glu His Val Ile Leu Leu Asn Ala Gln Gly Val Pro Thr	
	1 5 10 15	
65	Gly Thr Leu Glu Lys Tyr Ala Ala His Thr Ala Asp Thr Arg Leu His	
	20 25 30	
70	Leu Ala Phe Ser Ser Trp Leu Phe Asn Ala Lys Gly Gln Leu Leu Val	
	35 40 45	
	Thr Arg Arg Ala Leu Ser Lys Lys Ala Trp Pro Gly Val Trp Thr Asn	

50 55 60

5 Ser Val Cys Gly His Pro Gln Leu Gly Glu Ser Asn Glu Asp Ala Val
65 70 75 80

10 Ile Arg Arg Cys Arg Tyr Glu Leu Gly Val Glu Ile Thr Pro Pro Glu
85 90 95

15 Ser Ile Tyr Pro Asp Phe Arg Tyr Arg Ala Thr Asp Pro Ser Gly Ile
100 105 110

20 Val Glu Asn Glu Val Cys Pro Val Phe Ala Ala Arg Thr Thr Ser Ala
115 120 125

25 Leu Gln Ile Asn Asp Asp Glu Val Met Asp Tyr Gln Trp Cys Asp Leu
130 135 140

30 Ala Asp Val Leu His Gly Ile Asp Ala Thr Pro Trp Ala Phe Ser Pro
145 150 155 160

35 Trp Met Val Met Gln Ala Thr Asn Arg Glu Ala Arg Lys Arg Leu Ser
165 170 175

Ala Phe Thr Gln Leu Lys
180

35 <210> 32

40 <211> 31

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

45 <220>

<221> primer_bind

50 <222> (1)..(31)

<223>

55 <400> 32

tttttccatg gtgaaggagg aaatagcgaa a

31

60 <210> 33

<211> 32

65 <212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

70

<220>
 <221> primer_bind
 5 <222> (1)..(32)
 <223>
 10
 <400> 33
 tttttaagct ttcacttttt tcttgtaacc aa 32
 15 <210> 34
 <211> 962
 <212> DNA
 20 <213> Archaeoglobus fulgidus
 25 <220>
 <221> CDS
 <222> (3)..(956)
 30 <223>
 35 <400> 34
 cc atg gtg aag gag gaa ata gcg aaa agg gcc gaa ata atc aac aaa 47
 Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ile Ile Asn Lys
 1 5 10 15
 40 gcc att gaa gag ctt ctg ccc gaa agg gag ccg att gga ctc tac aaa 95
 Ala Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu Pro Ile Gly Leu Tyr Lys
 20 25 30
 45 gcc gca agg cat ctg atc aaa gca ggt ggc aag agg cta agg cct gta 143
 Ala Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Lys Arg Leu Arg Pro Val
 35 40 45
 50 ata agc ctc tta gca gtc gaa gcc ctt ggg aaa gac tac aga aag att 191
 Ile Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly Lys Asp Tyr Arg Lys Ile
 50 55 60
 atc ccg gct gct gtc agc att gaa aca atc cac aac ttc acc ctc gtg 239
 Ile Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile His Asn Phe Thr Leu Val
 65 70 75
 55 cat gac gac ata atg gac agg gac gag atg agg agg gga gtt ccg acg 287
 His Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met Arg Arg Gly Val Pro Thr
 80 85 90 95
 60 gta cac agg gtt tat ggg gaa gcg acg gcc att tta gca ggc gac aca 335
 Val His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala Ile Leu Ala Gly Asp Thr
 100 105 110
 65 ctc ttt gct gaa gcc ttc aag ctg ctg aca aag tgc gat gtt gag agc 383
 Leu Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr Lys Cys Asp Val Glu Ser
 115 120 125
 70 gag gga atc aga aaa gct aca gaa atg ctt tcg gac gtt tgc ata aaa 431
 Glu Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu Ser Asp Val Cys Ile Lys
 130 135 140

5	ata tgc gag ggg cag tac tac gac atg agc ttt gag aaa aag gag agc Ile Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser Phe Glu Lys Lys Glu Ser 145 150 155	479
	gtt tcc gag gag gag tat ctc agg atg gtc gag ctg aag acc gga gtg Val Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val Glu Leu Lys Thr Gly Val 160 165 170 175	527
10	ctg att gca gct tct gca gca tta cct gcg gtg ctt ttt ggg gag agc Leu Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala Val Leu Phe Gly Glu Ser 180 185 190	575
15	gag gaa att gta aag gcg ctg tgg gac tac gga gtt ctt agc ggt att Glu Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr Gly Val Leu Ser Gly Ile 195 200 205	623
20	ggc ttc cag atc cag gac gac ctg ctt gac ctg act gag gag acc gga Gly Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp Leu Thr Glu Glu Thr Gly 210 215 220	671
25	aag gac tgg gga agc gac ctg ctt aaa ggg aag aaa acc ctg att gtc Lys Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Lys Thr Leu Ile Val 225 230 235	719
	ata aag gcg ttc gaa aag gga gtg aag cta aag acg ttt gga aag gaa Ile Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu Lys Thr Phe Gly Lys Glu 240 245 250 255	767
30	aag gcg gac gtc tct gag att aga gat gat atc gaa aag tta aga gag Lys Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu 260 265 270	815
35	tgt ggt gcg att gat tac gct gcc agc atg gca aga aag atg gct gaa Cys Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met Ala Arg Lys Met Ala Glu 275 280 285	863
40	gag gcg aaa aga aag ctc gaa gtt ctg cct gaa agc aaa gcc aag gaa Glu Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro Glu Ser Lys Ala Lys Glu 290 295 300	911
45	aca ctg ctg gaa ctt acc gac ttc ttg gtt aca aga aaa aag tga Thr Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val Thr Arg Lys Lys 305 310 315	956
	aagctt	962
50	<210> 35	
	<211> 317	
	<212> PRT	
55	<213> Archaeoglobus fulgidus	
60	<400> 35	
	Met- Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ile Ile Asn Lys Ala 1 5 10 15	
65	Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu Pro Ile Gly Leu Tyr Lys Ala 20 25 30	
70	Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly Lys Arg Leu Arg Pro Val Ile 35 40 45	

5 Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly Lys Asp Tyr Arg Lys Ile Ile
 50 55 60
 10 Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile His Asn Phe Thr Leu Val His
 65 70 75 80
 15 Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met Arg Arg Gly Val Pro Thr Val
 85 90 95
 20 Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr Lys Cys Asp Val Glu Ser Glu
 115 120 125
 25 Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu Ser Asp Val Cys Ile Lys Ile
 130 135 140
 30 Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser Phe Glu Lys Lys Glu Ser Val
 145 150 155 160
 35 Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val Glu Leu Lys Thr Gly Val Leu
 165 170 175
 40 Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala Val Leu Phe Gly Glu Ser Glu
 180 185 190
 45 Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr Gly Val Leu Ser Gly Ile Gly
 195 200 205
 50 Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp Leu Thr Glu Glu Thr Gly Lys
 210 215 220
 55 Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Lys Thr Leu Ile Val Ile
 225 230 235 240
 60 Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu Lys Thr Phe Gly Lys Glu Lys
 245 250 255
 65 Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu Cys
 260 265 270
 70 Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met Ala Arg Lys Met Ala Glu Glu
 275 280 285
 Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro Glu Ser Lys Ala Lys Glu Thr
 290 295 300
 Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val Thr Arg Lys Lys
 305 310 315

<210> 36
 <211> 1293
 5 <212> DNA
 <213> *Archaeoglobus fulgidus*
 10 <220>
 <221> CDS
 15 <222> (206) .. (1159)
 <223>
 20 <400> 36
 taaaacgacg gccagtgagc gcgcgtaata cgactcacta tagggcgaat tgggtaccgg 60
 gccccccctc gacgccgtcg ttcaatgaga atggataaga ggctcgtggg attgacgtga 120
 25 gggggcaggg atggctatat ttctgggagc gaactccggg cgaggatcta gttgtaggga 180
 gggattcatg acaccacaaa cagcc atg gtg aag gag gaa ata gcg aaa agg 232
 Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg
 1 5
 30 gcc gaa ata atc aac aaa gcc att gaa gag ctt ctg ccc gaa agg gag 280
 Ala Glu Ile Ile Asn Lys Ala Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu
 10 15 20 25
 35 ccg att gga ctc tac aaa gcc gca agg cat ctg atc aaa gca ggt ggc 328
 Pro Ile Gly Leu Tyr Lys Ala Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly
 30 35 40
 40 aag agg cta agg cct gta ata agc ctc tta gca gtc gaa gcc ctt ggg 376
 Lys Arg Leu Arg Pro Val Ile Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly
 45 50 55
 45 aaa gac tac aga aag att atc ccg gct gct gtc agc att gaa aca atc 424
 Lys Asp Tyr Arg Lys Ile Ile Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile
 60 70
 50 cac aac ttc acc ctc gtg cat gac gac ata atg gac agg gac gag atg 472
 His Asn Phe Thr Leu Val His Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met
 75 80 85
 55 agg agg gga gtt ccg acg gta cac agg gtt tat ggg gaa gcg acg gcc 520
 Arg Arg Gly Val Pro Thr Val His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala
 90 95 100 105
 60 att tta gca ggc gac aca ctc ttt gct gaa gcc ttc aag ctg ctg aca 568
 Ile Leu Ala Gly Asp Thr Leu Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr
 110 115 120
 65 aag tgc gat gtt gag agc gag gga atc aga aaa gct aca gaa atg ctt 616
 Lys Cys Asp Val Glu Ser Glu Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu
 125 130 135
 70 tcg gac gtt tgc ata aaa ata tgc gag ggg cag tac tac gac atg agc 664
 Ser Asp Val Cys Ile Lys Ile Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser
 140 145 150
 ttt gag aaa aag gag agc gtt tcc gag gag gag tat ctc agg atg gtc 712
 Phe Glu Lys Lys Glu Ser Val Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val
 155 160 165

5	gag ctg aag acc gga gtg ctg att gca gct tct gca gca tta cct gcg Glu Leu Lys Thr Gly Val Leu Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala 170 175 180 185	760
10	gtg ctt ttt ggg gag agc gag gaa att gta aag gcg ctg tgg gac tac Val Leu Phe Gly Glu Ser Glu Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr 190 195 200	808
15	gga gtt ctt agc ggt att ggc ttc cag atc cag gac gac ctg ctt gac Gly Val Leu Ser Gly Ile Gly Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp 205 210 215	856
20	ctg act gag gag acc gga aag gac tgg gga agc gac ctg ctt aaa ggg Leu Thr Glu Glu Thr Gly Lys Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly 220 225 230	904
25	aag aaa acc ctg att gtc ata aag gcg ttc gaa aag gga gtg aag cta Lys Lys Thr Leu Ile Val Ile Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu 235 240 245	952
30	aag acg ttt gga aag gaa aag gcg gac gtc tct gag att aga gat gat Lys Thr Phe Gly Lys Glu Lys Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp 250 255 260 265	1000
35	atc gaa aag tta aga gag tgt ggt gcg att gat tac gct gcc agc atg Ile Glu Lys Leu Arg Glu Cys Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met 270 275 280	1048
40	gca aga aag atg gct gaa gag gcg aaa aga aag ctc gaa gtt ctg cct Ala Arg Lys Met Ala Glu Glu Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro 285 290 295	1096
45	gaa agc aaa gcc aag gaa aca ctg ctg gaa ctt acc gac ttc ttg gtt Glu Ser Lys Ala Lys Glu Thr Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val 300 305 310	1144
50	aca aga aaa aag tga aagcttcaat tgcattgctct agatgatcaa agaattcctg Thr Arg Lys Lys 315	1199
55	gcctagtcta taggaggttt tgaaaagaaa ggagcaataa tcatttttctt gttctatcaa	1259
60	gaggggtgcta ttgctccttt ctttttttct cgag	1293
65	<210> 37	
70	<211> 317	
	<212> PRT	
	<213> Archaeoglobus fulgidus	
	<400> 37	
60	Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ile Ile Asn Lys Ala 1 5 10 15	
65	Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu Pro Ile Gly Leu Tyr Lys Ala 20 25 30	
70	Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly Lys Arg Leu Arg Pro Val Ile 35 40 45	

Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly Lys Asp Tyr Arg Lys Ile Ile
 50 55 60

5 Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile His Asn Phe Thr Leu Val His
 65 70 75 80

10 Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met Arg Arg Gly Val Pro Thr Val
 85 90 95

His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala Ile Leu Ala Gly Asp Thr Leu
 100 105 110

15 Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr Lys Cys Asp Val Glu Ser Glu
 115 120 125

20 Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu Ser Asp Val Cys Ile Lys Ile
 130 135 140

25 Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser Phe Glu Lys Lys Glu Ser Val
 145 150 155 160

30 Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val Glu Leu Lys Thr Gly Val Leu
 165 170 175

35 Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala Val Leu Phe Gly Glu Ser Glu
 180 185 190

40 Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr Gly Val Leu Ser Gly Ile Gly
 195 200 205

Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp Leu Thr Glu Glu Thr Gly Lys
 210 215 220

45 Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Lys Thr Leu Ile Val Ile
 225 230 235 240

50 Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu Lys Thr Phe Gly Lys Glu Lys
 245 250 255

55 Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu Cys
 260 265 270

60 Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met Ala Arg Lys Met Ala Glu Glu
 275 280 285

Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro Glu Ser Lys Ala Lys Glu Thr
 290 295 300

65 Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val Thr Arg Lys Lys
 305 310 315

<210> 38
<211> 35
5 <212> DNA
<213> Künstliche Sequenz
10
<220>
<221> primer_bind
15 <222> (1)..(35)
<223>
20
<400> 38
gagctcttca ttatttcgat ttgatttcg tgacc 35
25 <210> 39
<211> 38
<212> DNA
30 <213> Künstliche Sequenz
35 <220>
<221> Primer
<222> (1)..(38)
40 <223>
45 <400> 39
aagcttggtt gatcagaaga agaagaagaa gatgaact 38
50 <210> 40
<211> 647
<212> DNA
55 <213> Arabidopsis thaliana
60 <220>
<221> Promotor
<222> (1)..(647)
65 <223>
70 <400> 40
gagctcttca ttatttcgat ttgatttcg tgaccagcga acgcagaata ccttgttgtg 60

5 taataacttta cccgtgtaaa tcaaaaacaa aaaggctttt gagctttttg tagttgaatt 120
tctctggctg atcttttctg tacagattca tatactctgca gagacgatat cattgattat 180
ttgagcttct tttgaactat ttcgtgtaat ttgggatgag agctctatgt atgtgtgtaa 240
actttgaaga caacaagaaa ggtaacaagt gagggaggga tgactccatg tcaaaataga 300
10 tgtcataaga ggcccatcaa taagtgttg agcccatag ctagccagat aactaccaga 360
ttgtgagatg gatgtgtgaa cagttttttt ttgatgtag gactgaaatg tgaacaacag 420
gcgcataaaa ggctaaatta ggacaatgat aagcagaaat aacttatcct ctctaact 480
15 tggcctcaca ttgcccttca cacaatccac acacatccaa tcacaacctc atcatatata 540
tcccgctaata ctttttttct ttgatctttt tttttttgct tattatattt ttgactttga 600
20 tctcccatca gttcatcttc ttcttcttct tctgatcaac caagctt 647

<210> 41

25 <211> 28
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

30

<220>

35 <221> primer_bind
<222> (1)..(28)
<223>

40

<400> 41
45 gagtcactc actgatttcc attgcttg 28

<210> 42

50 <211> 23
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

55

<220>

60 <221> Primer
<222> (1)..(23)
<223>

65

<400> 42
70 aagcttttgt tgaagagatt tgg 23

<210> 43
<211> 37
5 <212> DNA
<213> Künstliche Sequenz
10
<220>
<221> primer_bind
15 <222> (1)..(37)
<223>
20
<400> 43
cgccggttaag tcgatgtccg ttgatttaaa cagtgtc 37
25 <210> 44
<211> 34
<212> DNA
30 <213> Künstliche Sequenz
35 <220>
<221> primer_bind
<222> (1)..(34)
40 <223>
45 <400> 44
atcaacggac atcgacttaa cggcgtttgt aaac 34
50 <210> 45
<211> 777
<212> DNA
55 <213> Arabidopsis thaliana
60 <220>
<221> Promotor
<222> (1)..(777)
65 <223>
70 <400> 45
gagctcactc actgatttcc attgcttgaa aattgatgat gaactaagat caatccatgt 60

	tagtttcaaa acaacagtaa ctgtggccaa cttagttttg aaacaacact aactgggtcga	120
5	agcaaaaaga aaaaagagtt tcatcatata tctgatttga tggactgttt ggagtttagga	180
	ccaaacatta tctacaaaca aagacttttc tcttaacttg tgattccttc ttaaacccta	240
	ggggtaatat tctattttcc aaggatcttt agttaaaggc aaatccggga aattattgtà	300
10	atcatttggg gaaacatata aaagatttga gttagatgga agtgacgatt aatccaaaca	360
	tatatatctc tttcttctta tttcccaaat taacagacaa aagtagaata ttggctttta	420
15	acaccaatat aaaaacttgc ttcacaccta aacacttttg tttacttttag ggtaagtgca	480
	aaaagccaac caaatccacc tgcactgatt tgacgtttac aaacgccgtt aagtcgatgt	540
	ccgttgattt aaacagtgtc ttgtaattaa aaaaatcagt ttacataaat ggaaaattta	600
20	tcacttagtt ttcatcaact tctgaactta cttttcatgg attaggcaat actttccatt	660
	tttagtaact caagtggacc ctttacttct tcaactccat ctctctcttt ctatttcact	720
25	tctttcttct cattatatct cttgtcctct ccaccaaata tcttcaacaa aaagctt	777
	<210> 46	
30	<211> 804	
	<212> DNA	
	<213> Synechococcus WH8102	
35	<220>	
	<221> CDS	
40	<222> (1)..(804)	
	<223>	
45	<400> 46	
	atg aaa acg aca aga tct att tcg tgg cca tcg act tgc tgg cat cac	48
50	Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His	
	1 5 10 15	
	cag ccg agt tgc tca agc tgg gtg gca aat gag ttc agc cct cag gcc	96
	Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala	
55	20 25 30	
	ctc aaa ggg ttg gct ctg gct ggt ctg att gga tca gcc tgg ctg ctc	144
	Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu	
	35 40 45	
60	tcc ctg ggc ctg agc tac acc ctg cca ctt gat cag acg cct ggg ctg	192
	Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Ser Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu	
	50 55 60	
65	ttg att ggc agc ttg att ctg ctc aga gca ttt ctg cac acc ggg ctg	240
	Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Leu Arg Ala Phe Leu His Thr Gly Leu	
	65 70 75 80	
70	ttc atc gtt gcc cac gat tcc atg cac gcc agt ctg gtt ccg ggt cat	288
	Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His	
	85 90 95	

	ccc gga ttg aac cgc tgg atc ggc aaa gtg tat ttg ttg gtg tat gca	336	
	Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala		
	100 105 110		
5	ggc ttg tct tat gag cgt tgt tcc cgc aac cac aga cgt cat cac ctg	384	
	Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu		
	115 120 125		
10	gca ccg gag acg ttc cag gat cct gac tac caa cgt tgc acc aat aac	432	
	Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn		
	130 135 140		
15	aac atc cta gat tgg tat gtt cac ttc atg ggc aac tat ctg ggc atg	480	
	Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met		
	145 150 155 160		
20	cgg caa ctg tta aat cta agc tgt ctt tgg ctg gcg cta atc att ctc	528	
	Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu		
	165 170 175		
25	aac ggt tct gat ctc cct gct cag atc atg cat ctg ctg ttg ttc agc	576	
	Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser		
	180 185 190		
30	gtt ctg ccg ttg atc atc agt tcc tgt caa ttg ttt cta gtg gga acc	624	
	Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr		
	195 200 205		
35	tgg tta ccc cac cga cgt ggg gcc acg aca cga ccg ggc gtg aca acg	672	
	Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr		
	210 215 220		
40	cgc agc ctg gct ttg cat cca gcc ctc tct ttc gca gct tgt tac aac	720	
	Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn		
	225 230 235 240		
45	ttt ggc tat cat cgt gaa cat cat gaa tcg cct tcc aca ccc tgg ttt	768	
	Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe		
	245 250 255		
50	cag ctg cca caa ctt cga aat gaa tca ttc act tga	804	
	Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr		
	260 265		
55	<210> 47		
60	<211> 267		
65	<212> PRT		
70	<213> Synechococcus WH8102		
	<400> 47		
60	Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His		
	1 5 10 15		
65	Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala		
	20 25 30		
70	Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu		
	35 40 45		

Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu
 50 55 60

5 Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Leu Arg Ala Phe Leu His Thr Gly Leu
 65 70 75 80

10 Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His
 85 90 95

15 Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala
 100 105 110

20 Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu
 115 120 125

25 Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn
 130 135 140

30 Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met
 145 150 155 160

35 Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu
 165 170 175

40 Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser
 180 185 190

45 Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr
 195 200 205

50 Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr
 210 215 220

55 Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn
 225 230 235 240

60 Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe
 245 250 255

65 Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr
 260 265

70 <210> 48
 <211> 804
 <212> DNA
 <213> Künstliche Variante
 <220>
 <221> CDS

<222> (1)..(804)

<223>

5

<400> 48

10	atg aaa acg aca aga tct att tcg tgg cca tcg act tgc tgg cat cac Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His 1 5 10 15	48
15	cag ccg agt tgc tca agc tgg gtg gca aat gag ttc agc cct cag gcc Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala 20 25 30	96
20	ctc aaa ggg ttg gct ctg gct ggt ctg att gga tca gcc tgg ctg ctc Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu 35 40 45	144
25	tcc ctg ggc ctg agc tac acc ctg cca ctt gat cag acg cct ggg ctg Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu 50 55 60	192
30	ttg att ggc agc ttg att ctg tgg cag acc ttt ctg cac acc ggg ctg Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Trp Gln Thr Phe Leu His Thr Gly Leu 65 70 75 80	240
35	ttc atc gtt gcc cac gat tcc atg cac gcc agt ctg gtt ccg ggt cat Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His 85 90 95	288
40	ccc gga ttg aac cgc tgg atc ggc aaa gtg tat ttg ttg gtg tat gca Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala 100 105 110	336
45	ggc ttg tct tat gag cgt tgt tcc cgc aac cac aga cgt cat cac ctg Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu 115 120 125	384
50	gca ccg gag acg ttc cag gat cct gac tac caa cgt tgc acc aat aac Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn 130 135 140	432
55	aac atc cta gat tgg tat gtt cac ttc atg ggc aac tat ctg ggc atg Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met 145 150 155 160	480
60	cgg caa ctg tta aat cta agc tgt ctt tgg ctg gcg cta atc att ctc Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu 165 170 175	528
65	aac ggt tct gat ctc cct gct cag atc atg cat ctg ctg ttg ttc agc Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser 180 185 190	576
70	gtt ctg ccg ttg atc atc agt tcc tgt caa ttg ttt cta gtg gga acc Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr 195 200 205	624
75	tgg tta ccc cac cga cgt ggg gcc acg aca cga ccg ggc gtg aca acg Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr 210 215 220	672
80	cgc agc ctg gct ttg cat cca gcc ctc tct ttc gca gct tgt tac aac Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn 225 230 235 240	720
85	ttt ggc tat cat cgt gaa cat cat gaa tcg cct tcc aca ccc tgg ttt Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe 245 250 255	768

cag ctg cca caa ctt cga aat gaa tca ttc act tga 804
 Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr
 260 265

5

<210> 49

<211> 267

10 <212> PRT

<213> Künstliche Variante

15

<400> 49

20 Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His
 1 5 10 15

Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala
 20 25 30

25 Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu
 35 40 45

30 Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu
 50 55 60

35 Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Trp Gln Thr Phe Leu His Thr Gly Leu
 65 70 75 80

40 Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His
 85 90 95

45 Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala
 100 105 110

Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu
 115 120 125

50 Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn
 130 135 140

55 Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met
 145 150 155 160

60 Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu
 165 170 175

Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser
 180 185 190

65 Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr
 195 200 205

70

	Trp	Leu	Pro	His	Arg	Arg	Gly	Ala	Thr	Thr	Arg	Pro	Gly	Val	Thr	Thr		
	210						215					220						
5	Arg	Ser	Leu	Ala	Leu	His	Pro	Ala	Leu	Ser	Phe	Ala	Ala	Cys	Tyr	Asn		
	225					230					235					240		
10	Phe	Gly	Tyr	His	Arg	Glu	His	His	Glu	Ser	Pro	Ser	Thr	Pro	Trp	Phe		
					245					250					255			
	Gln	Leu	Pro	Gln	Leu	Arg	Asn	Glu	Ser	Phe	Thr							
15					260				265									
	<210>	50																
20	<211>	804																
	<212>	DNA																
	<213>	Künstliche Variante																
25	<220>																	
	<221>	CDS																
30	<222>	(1)..(804)																
	<223>																	
35	<400>	50																
	atg	aaa	acg	aca	aga	tct	att	tcg	tgg	cca	tcg	act	tgc	tgg	cat	cac	48	—
40	Met	Lys	Thr	Thr	Arg	Ser	Ile	Ser	Trp	Pro	Ser	Thr	Cys	Trp	His	His		
	1				5					10					15			
	cag	ccg	agt	tgc	tca	agc	tgg	gtg	gca	aat	gag	ttc	agc	cct	cag	gcc	96	
	Gln	Pro	Ser	Cys	Ser	Ser	Trp	Val	Ala	Asn	Glu	Phe	Ser	Pro	Gln	Ala		
45				20					25					30				
	ctc	aaa	ggg	ttg	gct	ctg	gct	ggt	ctg	att	gga	tca	gcc	tgg	ctg	ctc	144	
	Leu	Lys	Gly	Leu	Ala	Leu	Ala	Gly	Leu	Ile	Gly	Ser	Ala	Trp	Leu	Leu		
			35					40					45					
50	tcc	ctg	ggc	ctg	agc	tac	acc	ctg	cca	ctt	gat	cag	acg	cct	ggg	ctg	192	
	Ser	Leu	Gly	Leu	Ser	Tyr	Thr	Leu	Pro	Leu	Asp	Gln	Thr	Pro	Gly	Leu		
		50					55					60						
55	ttg	att	ggc	agc	ttg	att	ctg	ctc	aga	gca	ttt	ctg	cac	acc	ggg	ctg	240	
	Leu	Ile	Gly	Ser	Leu	Ile	Leu	Leu	Arg	Ala	Phe	Leu	His	Thr	Gly	Leu		
	65					70					75					80		
	ttc	atc	gtt	gcc	cac	gat	tcc	atg	cac	gcc	agt	ctg	gtt	ccg	ggt	cat	288	
60	Phe	Ile	Val	Ala	His	Asp	Ser	Met	His	Ala	Ser	Leu	Val	Pro	Gly	His		
					85					90					95			
	ccc	gga	ttg	aac	cgc	tgg	atc	ggc	aaa	gtg	tat	ttg	ttg	gtg	tat	gca	336	
	Pro	Gly	Leu	Asn	Arg	Trp	Ile	Gly	Lys	Val	Tyr	Leu	Leu	Val	Tyr	Ala		
				100					105					110				
65	ggc	ttg	tct	tat	gag	cgt	tgt	tcc	cgc	aac	cac	aga	cgt	cat	cac	gga	384	
	Gly	Leu	Ser	Tyr	Glu	Arg	Cys	Ser	Arg	Asn	His	Arg	Arg	His	His	Gly		
			115					120					125					
70	cat	cct	ggt	act	gat	tta	gat	cct	gac	tac	caa	cgt	tgc	acc	aat	aac	432	

	His	Pro	Gly	Thr	Asp	Leu	Asp	Pro	Asp	Tyr	Gln	Arg	Cys	Thr	Asn	Asn	
	130						135					140					
5	aac	atc	cta	gat	tgg	tat	gtt	cac	ttc	atg	ggc	aac	tat	ctg	ggc	atg	480
	Asn	Ile	Leu	Asp	Trp	Tyr	Val	His	Phe	Met	Gly	Asn	Tyr	Leu	Gly	Met	
	145					150					155					160	
10	cgg	caa	ctg	tta	aat	cta	agc	tgt	ctt	tgg	ctg	gcg	cta	atc	att	ctc	528
	Arg	Gln	Leu	Leu	Asn	Leu	Ser	Cys	Leu	Trp	Leu	Ala	Leu	Ile	Ile	Leu	
					165					170					175		
15	aac	ggt	tct	gat	ctc	cct	gct	cag	atc	atg	cat	ctg	ctg	ttg	ttc	agc	576
	Asn	Gly	Ser	Asp	Leu	Pro	Ala	Gln	Ile	Met	His	Leu	Leu	Leu	Phe	Ser	
				180					185					190			
20	gtt	ctg	ccg	ttg	atc	atc	agt	tcc	tgt	caa	ttg	ttt	cta	gtg	gga	acc	624
	Val	Leu	Pro	Leu	Ile	Ile	Ser	Ser	Cys	Gln	Leu	Phe	Leu	Val	Gly	Thr	
			195					200					205				
25	tgg	tta	ccc	cac	cga	cgt	ggg	gcc	acg	aca	cga	ccg	ggc	gtg	aca	acg	672
	Trp	Leu	Pro	His	Arg	Arg	Gly	Ala	Thr	Thr	Arg	Pro	Gly	Val	Thr	Thr	
		210					215					220					
30	cgc	agc	ctg	gct	ttg	cat	cca	gcc	ctc	tct	ttc	gca	gct	tgt	tac	aac	720
	Arg	Ser	Leu	Ala	Leu	His	Pro	Ala	Leu	Ser	Phe	Ala	Ala	Cys	Tyr	Asn	
					225		230				235					240	
35	ttt	ggc	tat	cat	cgt	gaa	cat	cat	gaa	tcg	cct	tcc	aca	ccc	tgg	ttt	768
	Phe	Gly	Tyr	His	Arg	Glu	His	His	Glu	Ser	Pro	Ser	Thr	Pro	Trp	Phe	
					245					250					255		
40	cag	ctg	cca	caa	ctt	cga	aat	gaa	tca	ttc	act	tga					804
	Gln	Leu	Pro	Gln	Leu	Arg	Asn	Glu	Ser	Phe	Thr						
				260					265								
45	<210>	51															
50	<211>	267															
55	<212>	PRT															
60	<213>	Künstliche Variante															
65	<400>	51															
70	Met	Lys	Thr	Thr	Arg	Ser	Ile	Ser	Trp	Pro	Ser	Thr	Cys	Trp	His	His	
	1				5					10					15		
75	Gln	Pro	Ser	Cys	Ser	Ser	Trp	Val	Ala	Asn	Glu	Phe	Ser	Pro	Gln	Ala	
				20					25					30			
80	Leu	Lys	Gly	Leu	Ala	Leu	Ala	Gly	Leu	Ile	Gly	Ser	Ala	Trp	Leu	Leu	
			35					40					45				
85	Ser	Leu	Gly	Leu	Ser	Tyr	Thr	Leu	Pro	Leu	Asp	Gln	Thr	Pro	Gly	Leu	
		50					55					60					
90	Leu	Ile	Gly	Ser	Leu	Ile	Leu	Leu	Arg	Ala	Phe	Leu	His	Thr	Gly	Leu	
		65				70					75					80	
95	Phe	Ile	Val	Ala	His	Asp	Ser	Met	His	Ala	Ser	Leu	Val	Pro	Gly	His	
					85					90					95		

5 Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala
 100 105 110
 Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Gly
 115 120 125
 10 His Pro Gly Thr Asp Leu Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn
 130 135 140
 15 Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met
 145 150 155 160
 20 Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu
 165 170 175
 Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser
 180 185 190
 25 Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr
 195 200 205
 30 Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr
 210 215 220
 35 Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn
 225 230 235 240
 40 Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe
 245 250 255
 Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr
 260 265
 45 <210> 52
 <211> 690
 50 <212> DNA
 <213> Nodularia spumigena NSOR10
 55 <220>
 <221> CDS
 60 <222> (1)..(690)
 <223>
 65 <400> 52
 atg gcg atc gcc att att agt ata tgg gct atc agc cta ggt ttg tta
 Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser Leu Gly Leu Leu
 1 5 10 15

58/73

[illegible]

Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser Leu Gly Leu Leu
 1 5 10 15
 5 Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Leu
 20 25 30
 10 Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 35 40 45
 15 Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro Lys Ile Asn His
 50 55 60
 Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln
 65 70 75 80
 20 Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Glu
 85 90 95
 25 Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn Phe Phe Ala Trp
 100 105 110
 30 Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu Gln Ile Ile Thr
 115 120 125
 35 Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp His Phe Pro Glu
 130 135 140
 Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile Leu Ser Ser Leu
 145 150 155 160
 40 Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Val Glu
 165 170 175
 45 Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp
 180 185 190
 50 Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Tyr Glu His His
 195 200 205
 55 Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Met
 210 215 220
 Ser Lys Ser Asn Leu
 225
 60 <210> 54
 <211> 37
 65 <212> DNA
 <213> Künstliche Sequenz

<220>
 <221> Primer
 5 <222> (1)..(37)
 <223>

10 <400> 54
 gcgcacatgcac ctagaaatga tccagttaga acaacca 37

15 <210> 55
 <211> 37
 <212> DNA
 20 <213> Künstliche Sequenz

25 <220>
 <221> Primer
 <222> (1)..(37)
 30 <223>

35 <400> 55
 gcgcacatgctc tagactatatt tgcctttgtaa atttctg 37

40 <210> 56
 <211> 792
 <212> DNA
 45 <213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

50 <220>
 <221> CDS
 <222> (5)..(775)
 55 <223>

60 <400> 56
 gcgc atg cat cta gaa atg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa 49
 Met His Leu Glu Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln
 1 5 10 15

65 gca aaa ctg act cca gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt 97
 Ala Lys Leu Thr Pro Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu
 20 25 30

70 ttc att gct att gtc att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta 145

61/73

	Phe	Ile	Ala	Ile	Val	Ile	Val	Ser	Ala	Trp	Val	Ile	Ser	Leu	Ser	Leu	
				35					40					45			
5	tta	ctt	tcc	ctt	gac	atc	tca	aag	cta	aaa	ttt	tgg	atg	tta	ttg	cct	193
	Leu	Leu	Ser	Leu	Asp	Ile	Ser	Lys	Leu	Lys	Phe	Trp	Met	Leu	Leu	Pro	
			50					55					60				
10	gtt	ata	cta	tgg	caa	aca	ttt	tta	tat	acg	gga	tta	ttt	att	aca	tct	241
	Val	Ile	Leu	Trp	Gln	Thr	Phe	Leu	Tyr	Thr	Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Ser	
		65					70					75					
15	cat	gat	gcc	atg	cat	ggc	gta	gta	ttt	ccc	caa	aac	acc	aag	att	aat	289
	His	Asp	Ala	Met	His	Gly	Val	Val	Phe	Pro	Gln	Asn	Thr	Lys	Ile	Asn	
	80					85					90					95	
20	cat	ttg	att	gga	aca	ttg	acc	cta	tcc	ctt	tat	ggg	ctt	tta	cca	tat	337
	His	Leu	Ile	Gly	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Leu	Tyr	Gly	Leu	Leu	Pro	Tyr	
					100					105					110		
25	caa	aaa	cta	ttg	aaa	aaa	cat	tgg	tta	cac	cac	cac	aac	cca	gca	agc	385
	Gln	Lys	Leu	Leu	Lys	Lys	His	Trp	Leu	His	His	His	Asn	Pro	Ala	Ser	
				115				120						125			
30	tca	ata	gac	ccg	gat	ttt	cac	aat	ggg	aaa	cac	caa	agt	ttc	ttt	gct	433
	Ser	Ile	Asp	Pro	Asp	Phe	His	Asn	Gly	Lys	His	Gln	Ser	Phe	Phe	Ala	
			130					135					140				
35	tgg	tat	ttt	cat	ttt	atg	aaa	ggg	tac	tgg	agt	tgg	ggg	caa	ata	att	481
	Trp	Tyr	Phe	His	Phe	Met	Lys	Gly	Tyr	Trp	Ser	Trp	Gly	Gln	Ile	Ile	
		145					150					155					
40	gcg	ttg	act	att	att	tat	aac	ttt	gct	aaa	tac	ata	ctc	cat	atc	cca	529
	Ala	Leu	Thr	Ile	Ile	Tyr	Asn	Phe	Ala	Lys	Tyr	Ile	Leu	His	Ile	Pro	
	160					165					170					175	
45	agt	gat	aat	cta	act	tac	ttt	tgg	gtg	cta	ccc	tcg	ctt	tta	agt	tca	577
	Ser	Asp	Asn	Leu	Thr	Tyr	Phe	Trp	Val	Leu	Pro	Ser	Leu	Leu	Ser	Ser	
					180					185					190		
50	tta	caa	tta	ttc	tat	ttt	ggg	act	ttt	tta	ccc	cat	agt	gaa	cca	ata	625
	Leu	Gln	Leu	Phe	Tyr	Phe	Gly	Thr	Phe	Leu	Pro	His	Ser	Glu	Pro	Ile	
				195				200						205			
55	ggg	ggg	tat	gtt	cag	cct	cat	tgt	gcc	caa	aca	att	agc	cgt	cct	att	673
	Gly	Gly	Tyr	Val	Gln	Pro	His	Cys	Ala	Gln	Thr	Ile	Ser	Arg	Pro	Ile	
			210					215					220				
60	tgg	tgg	tca	ttt	atc	acg	tgc	tat	cat	ttt	ggc	tac	cac	gag	gaa	cat	721
	Trp	Trp	Ser	Phe	Ile	Thr	Cys	Tyr	His	Phe	Gly	Tyr	His	Glu	Glu	His	
			225				230										

<400> 57

5 Met His Leu Glu Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala
1 5 10 15

10 Lys Leu Thr Pro Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe
20 25 30

15 Ile Ala Ile Val Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu
35 40 45

20 Leu Ser Leu Asp Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val
50 55 60

Ile Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His
65 70 75 80

25 Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His
85 90 95

30 Leu Ile Gly Thr Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln
100 105 110

35 Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Ser
115 120 125

Ile Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp
130 135 140

40 Tyr Phe His Phe Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala
145 150 155 160

45 Leu Thr Ile Ile Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser
165 170 175

50 Asp Asn Leu Thr Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu
180 185 190

55 Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly
195 200 205

Gly Tyr Val Gln Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp
210 215 220

60 Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His
225 230 235 240

65 Glu Tyr Pro His Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala
245 250 255

70 Lys

<210> 58
5 <211> 26
 <212> DNA
10 <213> Künstliche Sequenz
 <220>
15 <221> Primer
 <222> (1)..(26)
20 <223>
 <400> 58
25 gtcgaccctg ctttaatgag atatgc 26
 <210> 59
30 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Künstliche Sequenz
35 <220>
 <221> Primer
40 <222> (1)..(27)
 <223>
45 <400> 59
 ctcgagcttg gacaatcagt aaattga 27
50 <210> 60
 <211> 210
55 <212> DNA
 <213> Agrobacterium tumefaciens
60 <220>
 <221> Terminator
65 <222> (1)..(210)
 <223>
70

<400> 60
gtcgaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat cgcgatgatat ttgctttcaa 60
5 ttctgttggtg cacgttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgccggtt 120
tcggttcatt ctaatgaata tatcaccogt tactatcgta tttttatgaa taatattctc 180
cgttcaattt actgattgtc caagctcgag 210
10
<210> 61
<211> 37
15 <212> DNA
<213> Künstliche Sequenz
20
<220>
<221> Primer
25 <222> (1)..(37)
<223>
30
<400> 61
cccgggaatt cttcattatt tcgattttga ttctgtg 37
35 <210> 62
<211> 38
<212> DNA
40 <213> Künstliche Sequenz
45 <220>
<221> Primer
<222> (1)..(38)
50 <223>
55 <400> 62
aagcttggtt gatcagaaga agaagaagaa gatgaact 38
60 <210> 63
<211> 652
<212> DNA
65 <213> Arabidopsis thaliana
70 <220>

<221> Promotor
<222> (1)..(652)
5 <223>

<400> 63
10 cccgggaatt cttcattatt tgcattttga tttcgtgacc agcgaacgca gaataccttg 60
ttgtgtaata ctttaccctgt gtaaatacaa aacaaaaagg cttttgagct ttttgtagtt 120
15 gaatttctct ggctgatctt ttctgtacag attcatatat ctgcagagac gatatcattg 180
attattttgag cttcttttga actatttcgt gtaatttggg atgagagctc tatgtatgtg 240
tgtaaacttt gaagacaaca agaaaggtaa caagtgaggg agggatgact ccatgtcaaa 300
20 atagatgtca taagaggccc atcaataagt gcttgagccc attagctagc ccagtaacta 360
ccagattgtg agatggatgt gtgaacagtt ttttttttga tgtaggactg aaatgtgaac 420
25 aacaggcgca tgaaaggcta aattaggaca atgataagca gaaataactt atcctctcta 480
acacttgccc tcacattgcc cttcacacaa tccacacaca tccaatcaca acctcatcat 540
atatctcccg ctaatctttt tttctttgat cttttttttt ttgcttatta tttttttgac 600
30 tttgatctcc catcagttca tcttcttctt cttcttctga tcaaccaagc tt 652

<210> 64
35 <211> 29
<212> DNA
40 <213> Künstliche Sequenz

<220>
45 <221> Primer
<222> (1)..(29)
50 <223>

<400> 64
55 gagctctagc gcaatcttat gtggtacaa 29

<210> 65
60 <211> 29
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz
65
<220>
70 <221> Primer

<222> (1) .. (29)
<223>
5
<400> 65
aagcttttct tgaaagtaaa gattgagtc 29
10
<210> 66
<211> 1773
15
<212> DNA
<213> Petunia hybrida
20
<220>
<221> Promotor
25
<222> (1) .. (1773)
<223>
30
<400> 66
gagctctagc gcaatcttat gtggtacaaa tcttgattag tcgggaaaaa atgatgtggc 60
cctacaaaatg gttggaggat gggagatttg gctctatcta gagttatgtg gttgttgaag 120
35 catttgggta ctctctgctg tggtagttgg catatccaca ttgtctcctt ccacttttat 180
gacaattacg tgaaagtatt gggttgtttt gtctattttt gtcgaggcct ttcttttccct 240
40 tccaggttgt tgaagatggg ccaattcgat tagaataatg ttttgagctt tagcatattc 300
tctctcgttt acacgattat agtaataatg atataggatg acagaagttg acacataaat 360
tttttattct ctccatttac tttaatccaa atctcaccta ccctaaactt ctttaatatg 420
45 tattcaatag tctatccgag taaattgtaa atttaacaac cattgataat attgacacct 480
actaacatat actagtaaag agaattataa catggcacat ataatttgat gcaaaatgag 540
50 tatgatgaaa tttaaaccca aaatctcttg attttgacag tgtcaccttg acttgtaaac 600
taataagtca tgttttagtg gcagaaagac aaactcatcc accaactgta tagcaataaa 660
aaatagaaga atcttcctga ggcaaagttt tggaaaaatt aagagtggct gagatttaat 720
55 ttcaacagga attagttcca cttaactttt aggttacgat acagtgctaa tttaataact 780
taattgtatt agatatttct tgcacctaaa aaatttaaaa actgaaaaaa ggtagcaatc 840
60 aaaataaaca aaaggacaaa ataagtgaag ggtacagcca ccaaccctgg cggctcactg 900
tttgttgggtt aaaacgtaga cttacacctt ccaaaatcta caactaaaat gaggcaataa 960
tactttgccc aaaattacca agaaaagaaa aagaaaggaa tcccttaata ttactctcct 1020
65 ccatttcaca ataaatatcc tagtttgact taaattagag ttttaaaaaat gaaagacgac 1080
ttttaaaact tgtaatctaa aataaatcat agttaaatgt gtggctataa atcattgtat 1140
70 taacgggtaaa gtggtaagtt taaaagttaa ttgttttcaa atataaaatt gtactatcat 1200

tcttttttggga atggactaat aagaaaacta tgacatccat tatggagcgg agggagtatc 1260
5 tcctttttaac aataaccttt gtcccttcaa ttcaattatc agtatgcaaa cattaaaaat 1320
tattattgat gttaagtacc acatcatcct taatgataga atcatcgtag aacgccttttc 1380
caggcacaca ttcaaactag ttagaccagt accacacatc gaatattcca gacttctttg 1440
10 tttgaatagt cgactacatt ggataatgga acttctcgaa ttaacttcga attagtcgag 1500
cccaaaataa tatatacgtc ggggtggaaaa ctataaaatg tttgacaaaa atgtcaaatt 1560
15 aatatatcaa tctgcaacaa cctttttcacc ttgagaacac agctgaaatt ttttacaaaag 1620
gtagtgtggtg aagctagtca gcgaatccca ttaccttcca ctctacctaa cccctttcac 1680
caacaacaaa tttctgtaat ttaaaaacta gccaaaaaag aactctcttt tacaaagagc 1740
20 caaagactca atctttactt tcaagaaaag ctt 1773

<210> 67
25 <211> 39
<212> DNA
30 <213> Künstliche Sequenz

<220>
35 <221> Primer
<222> (1)..(39)
40 <223>

<400> 67
45 gcgcatgcat ctagaaatga atttttgtga taaaccagt 39

<210> 68
50 <211> 37
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

55 <220>
60 <221> Primer
<222> (1)..(37)
<223>

65 <400> 68
70 gcgcatgctc tagattacga attggttact gaattgt 37

<210> 69
 <211> 819
 5 <212> DNA
 <213> Nostoc punctiforme ATCC 29133
 10 <220>
 <221> CDS
 15 <222> (5)..(802)
 <223>
 20 <400> 69
 gcgc atg cat cta gaa atg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat 49
 Met His Leu Glu Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr
 1 5 10 15
 25 gtt gca ata gag caa tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg 97
 Val Ala Ile Glu Gln Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu
 20 25 30
 30 gtg att gtc ata gta att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt 145
 Val Ile Val Ile Val Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe
 35 40 45
 35 tta cta gct att aat tat gcc aaa gtc cca att tgg ttg ata cct att 193
 Leu Leu Ala Ile Asn Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile
 50 55 60
 40 gca ata gtt tgg caa atg ttc ctt tat aca ggg cta ttt att act gca 241
 Ala Ile Val Trp Gln Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala
 65 70 75
 cat gat gct atg cat ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat 289
 His Asp Ala Met His Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn
 80 85 90 95
 45 aat ttt atc ggt tca cta gct gta gcg ctt tac gct gtg ttt cca tat 337
 Asn Phe Ile Gly Ser Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr
 100 105 110
 50 caa cag atg tta aag aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc 385
 Gln Gln Met Leu Lys Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser
 115 120 125
 55 gaa gtt gac cca gat ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc 433
 Glu Val Asp Pro Asp Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe
 130 135 140
 60 tgg tat ctc cat ttc atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata 481
 Trp Tyr Leu His Phe Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile
 145 150 155
 gta cta act atc cta ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat 529
 Val Leu Thr Ile Leu Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His
 160 165 170 175
 65 caa ata aat ctc atc tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc 577
 Gln Ile Asn Leu Ile Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser
 180 185 190
 70 att caa ctg ttt tat ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag 625

69/73

Ile Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys
 195 200 205
 5 aaa gga tat gtt tat ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act 673
 Lys Gly Tyr Val Tyr Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr
 210 215 220
 10 ttt ttg tca ttt atc gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat 721
 Phe Leu Ser Phe Ile Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His
 225 230 235
 15 cat gag tat ccc cat gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag 769
 His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys
 240 245 250 255
 20 cag aga gta ttc aac aat tca gta acc aat tcg taatctagag catgcgc 819
 Gln Arg Val Phe Asn Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260 265
 25 <210> 70
 <211> 266
 <212> PRT
 <213> Nostoc punctiforme ATCC 29133
 30 <400> 70
 35 Met His Leu Glu Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val
 1 5 10 15
 Ala Ile Glu Gln Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val
 20 25 30
 40 Ile Val Ile Val Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu
 35 40 45
 45 Leu Ala Ile Asn Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala
 50 55 60
 50 Ile Val Trp Gln Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 65 70 75 80
 55 Asp Ala Met His Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn
 85 90 95
 Phe Ile Gly Ser Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln
 100 105 110
 60 Gln Met Leu Lys Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu
 115 120 125
 65 Val Asp Pro Asp Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp
 130 135 140
 70 Tyr Leu His Phe Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val
 145 150 155 160

5 Leu Thr Ile Leu Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln
165 170 175

10 Ile Asn Leu Ile Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile
180 185 190

15 Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys
195 200 205

20 Gly Tyr Val Tyr Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe
210 215 220

25 Leu Ser Phe Ile Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His
225 230 235 240

30 Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln
245 250 255

35 Arg Val Phe Asn Asn Ser Val Thr Asn Ser
260 265

40 <210> 71
<211> 33
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

45 <220>
<221> Primer
<222> (1)..(33)
<223>

50 <400> 71
gcgcgatgcat ctagaaatgg cgatcgccat tat 33

55 <210> 72
<211> 32

60 <212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

65 <220>
<221> Primer

<222> (1)..(32)
 <223>
 5
 <400> 72
 gcgc atg cta tagatcacia atttgattta ga 32
 10
 <210> 73
 <211> 720
 15
 <212> DNA
 <213> Nodularia spumigena NSOR10
 20
 <220>
 <221> CDS
 25
 <222> (5)..(703)
 <223>
 30
 <400> 73
 gcgc atg cat cta gaa atg gcg atc gcc att att agt ata tgg gct atc 49
 Met His Leu Glu Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile
 1 5 10 15
 35
 agc cta ggt ttg tta ctt tat att gat ata tcc caa ttc aag ttt tgg 97
 Ser Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp
 20 25 30
 40
 atg ttg tta ccg ctc ata ttt tgg caa aca ttt tta tat acg gga tta 145
 Met Leu Leu Pro Leu Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu
 35 40 45
 45
 ttt att aca gct cat gat gcc atg cat ggg gta gtt ttt ccc aaa aat 193
 Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn
 50 55 60
 50
 ccc aaa atc aac cat ttc att ggc tca ttg tgc ctg ttt ctt tat ggt 241
 Pro Lys Ile Asn His Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly
 65 70 75
 55
 ctt tta cct tat caa aaa ctt tta aaa aag cat tgg cta cat cac cat 289
 Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His
 80 85 90 95
 60
 aat cca gcc agt gaa aca gat cca gat ttt cac aac ggg aag cag aaa 337
 Asn Pro Ala Ser Glu Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys
 100 105 110
 65
 aac ttt ttt gct tgg tat tta tat ttt atg aag cgt tac tgg agt tgg 385
 Asn Phe Phe Ala Trp Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp
 115 120 125
 70
 tta caa att atc aca tta atg att att tat aac tta cta aaa tat ata 433
 Leu Gln Ile Ile Thr Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile
 130 135 140
 70
 tgg cat ttt cca gag gat aat atg act tat ttt tgg gta gtt ccc tca 481
 Trp His Phe Pro Glu Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser
 145 150 155

5 att tta agt tct tta caa tta ttt tat ttt gga act ttt cta ccc cac 529
 Ile Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His
 160 165 170 175
 agt gag cct gta gaa ggt tat aaa gag cct cat cgt tcc caa act att 577
 Ser Glu Pro Val Glu Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile
 180 185 190
 10 agc cgt ccc att tgg tgg tca ttt ata act tgt tac cat ttt ggt tat 625
 Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr
 195 200 205
 15 cat tac gaa cat cat gaa tac ccc cat gtt cct tgg tgg caa tta cca 673
 His Tyr Glu His His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro
 210 215 220
 20 gaa att tat aaa atg tct aaa tca aat ttg tgatctagag catgcgc 720
 Glu Ile Tyr Lys Met Ser Lys Ser Asn Leu
 225 230
 <210> 74
 25 <211> 233
 <212> PRT
 <213> Nodularia spumigena NSOR10
 30
 <400> 74
 35 Met His Leu Glu Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser
 1 5 10 15
 40 Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met
 20 25 30
 Leu Leu Pro Leu Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe
 35 40 45
 45 Ile Thr Ala His Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro
 50 55 60
 50 Lys Ile Asn His Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu
 65 70 75 80
 55 Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn
 85 90 95
 60 Pro Ala Ser Glu Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn
 100 105 110
 65 Phe Phe Ala Trp Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu
 115 120 125
 70 Gln Ile Ile Thr Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp
 130 135 140

His Phe Pro Glu Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile
145 150 155 160

5 Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser
165 170 175

10 Glu Pro Val Glu Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser
180 185 190

15 Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His
195 200 205

20 Tyr Glu His His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu
210 215 220

25 Ile Tyr Lys Met Ser Lys Ser Asn Leu
225 230